



**Universidade de Brasília**  
**Instituto de Ciências Biológicas**  
**Departamento de Botânica**  
**Programa de Pós Graduação em Botânica**

**CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR E ANATÔMICA DO COMPLEXO  
BABAÇU (*Attalea* spp., Arecaceae)**

**Lorena Ramos da Mata**

**Brasília – DF**  
**2016**

**Lorena Ramos da Mata**

**CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR E ANATÔMICA DO COMPLEXO  
BABAÇU (*Attalea* spp., Arecaceae)**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-graduação em Botânica do Instituto de Ciências Biológicas da Universidade de Brasília como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em Botânica.

**Orientadora: Dra. Vânia Cristina Rennó Azevedo**

**BRASÍLIA  
DISTRITO FEDERAL - BRASIL  
2016**

## FICHA CATALOGRÁFICA

DA MATA, Lorena Ramos.

Caracterização molecular e anatômica do complexo babaçu  
(*Attalea* spp., Arecaceae)/ Lorena Ramos da Mata. – Brasília, DF [s.n.], 2016  
Número de páginas p. 149: il.

Dissertação (Mestrado). Instituto de Ciências Biológicas da Universidade de Brasília/ Departamento de Botânica.

Orientadora: Vânia Cristina Rennó Azevedo.

Bibliografia.

1. Caracterização Molecular. 2. Caracterização anatômica. 3. Arecaceae  
I. Título. II. Departamento de Botânica.

Nome: DA MATA, Lorena Ramos.

Título: **Caracterização molecular e anatômica do complexo babaçu (*Attalea* spp., Arecaceae)**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-graduação em Botânica do Instituto de Ciências Biológicas da Universidade de Brasília como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em Botânica.

Dissertação Aprovada em:     /     /

### **Banca Examinadora**

---

Dr<sup>a</sup>. Conceição Eneida dos Santos - Examinadora  
(UnB – Universidade de Brasília)

---

Dr. Márcio de Carvalho Moretzsohn - Examinador  
(Embrapa Cenargen)

---

Dr<sup>a</sup>. Vânia Rennó Azevedo - Orientadora (Presidente)  
(Embrapa Cenargen)

BRASÍLIA – DISTRITO FEDERAL  
BRASIL - 2016

*“Porque Dele e por Ele, e para Ele ,  
são todas as coisas; glória , pois a Ele  
eternamente. Amém.” Romanos 11:36*

## AGRADECIMENTOS

À Deus que sempre está no controle. Agradeço aos meus pais Samuel e Elenise, por tudo. Ao meu amado marido Henrique.

À minha orientadora Prof. Dra. Vânia Cristina Rennó Azevedo. Ao meu grande professor Dr. Peter Inglis.

Aos amigos do Laboratório de Genética Vegetal Da Embrapa Cenargen pela amizade e companheirismo, tais como: Natasha, Lucileide, Anátria, Tassiana, João, Flávio, Nayara, Bruna, Neide, Marília e Justino.

À Universidade de Brasília, Instituto de Ciências Biológicas, Departamento de Botânica, Programa de Pós Graduação em Botânica, especialmente à Dra. Conceição Eneida dos Santos, à Dra. Sueli Maria Gomes e à técnica Jéssica Vieira do Laboratório de Anatomia Vegetal.

À Embrapa Cenargen, especialmente aos pesquisadores Dr. Márcio de Carvalho Moretzsohn do Laboratório de Genética Vegetal, e ao pessoal do Laboratório de cultura de tecidos, Dr. Jonny Everson Scherwinski Pereira, e aos amigos André, Zan e Gabi, por todo apoio. À Embrapa Cocais, ao Dr. Marcelo Mattos Cavallari.

A todas as pessoas não mencionadas, porém não esquecidas. Sintam-se sinceramente agradecidos.

## RESUMO GERAL

DA MATA, Lorena Ramos. **Caracterização molecular e anatômica do complexo babaçu (*Attalea* spp., Arecaceae)**. 2016. 149p. Dissertação (Mestrado) – Departamento de Botânica. Instituto de Ciências Biológicas. Universidade de Brasília, Brasília, DF, 2016.

O babaçu (*Attalea* spp.) é uma palmeira nativa com ampla distribuição no Brasil, sendo encontrado nas regiões Norte, Nordeste, Sudeste e Centro-Oeste. Constitui um recurso natural de elevada importância no nordeste brasileiro e é um dos principais produtos extrativistas do país. A identificação taxonômica do conjunto de espécies de babaçu é complexa, e não há consenso entre os diversos autores, por isso, esse conjunto de espécies é denominado “complexo babaçu”. Considerando-se as divergências taxonômicas acerca do gênero *Attalea* e a importância da correta classificação das espécies para programas de melhoramento e conservação, foi proposta a caracterização da anatomia foliar e o estudo com DNA *barcode* de sete espécies do complexo babaçu que ocorrem no Brasil, a fim de fornecer dados anatômicos e moleculares discriminatórios que possam subsidiar a taxonomia. A anatomia foliar das sete espécies estudadas do gênero *Attalea* foi altamente informativa. Os dados gerados podem auxiliar na identificação das espécies, assim como em sua classificação taxonômica. Os marcadores *rbcL*, *trnL* e *matK* não apresentaram resolução suficiente para a discriminação das espécies. Os marcadores *psbA-trnH*, ITS e PRK apresentaram resultados potencialmente satisfatórios para serem usados com regiões *barcode* para espécies de *Attalea*. O uso de marcadores *barcode* em espécies do gênero *Attalea* necessita ser aprimorado, tanto no estabelecimento de protocolos de extração, PCR e sequenciamento eficientes quanto na escolha e combinação dos marcadores utilizados.

**Palavras-chave:** *Attalea*, Babaçu, Anatomia foliar, DNA *barcode*

## ABSTRACT

DA MATA, Lorena Ramos. **Molecular and anatomic characterization of babassu complex (*Attalea* spp., Arecaceae)** 2016. 149p. Dissertação (Mestrado) – Departamento de Botânica. Instituto de Ciências Biológicas. Universidade de Brasília, Brasília, DF, 2016.

The babassu (*Attalea* spp.) is a palm tree native to Brazil with wide distribution, being found in the North, Northeast, Southeast and Central West regions. The plant is a natural resource of great importance in northeastern Brazil and one of the main extractive products in the country. The identification and taxonomy of babassu species is difficult and there is no taxonomic consensus among many authors, so this group of species is known as the "babassu complex". Considering the taxonomic problems in *Attalea* and the importance of proper classification of species for breeding and conservation programs, we proposed to characterize the leaf anatomy and apply DNA barcoding techniques to seven species of the babassu complex occurring in Brazil, with the aim of providing discriminatory anatomical and molecular data to support current taxonomy. The leaf anatomy of seven *Attalea* species studied was highly informative. The data generated can assist greatly in identifying the species within the current taxonomic framework. The DNA loci *rbcL*, *trnL* and *matK* showed insufficient resolution for discrimination of species. The *psbA-trnH* markers, ITS and PRK showed potentially satisfactory results for discriminating *Attalea* species. The use of DNA barcodes in *Attalea*, however, needs to be improved, both in the optimization of DNA extraction, PCR and sequencing protocols, as well as the choice and combination of markers used.

**Key words** : *Attalea*, babassu, leaf anatomy, DNA barcode

## ÍNDICE DE TABELAS

<b>Tabela 1.</b> Classificação da espécie <i>Attalea speciosa</i> (Mart. ex. Spreng.) com os respectivos autores e datas (CAVALLARI <i>et al.</i> , 2016).....	4
<b>Tabela 2.</b> Tipos de híbridos de <i>A. x teixeirana</i> (Bondar.) com suas respectivas características .....	12
<b>Tabela 3.</b> Tabela de substituições nucleotídicas.....	17
<b>Tabela 4.</b> Tabela de amostras utilizadas nas análises de anatomia foliar.....	25
<b>Tabela 5.</b> Tabela de amostras de espécies babaçu coletadas com suas respectivas origens utilizadas neste estudo.....	50
<b>Tabela 6.</b> Amostras de herbário utilizadas no estudo.....	51
<b>Tabela 7.</b> Sequências retiradas do <i>GenBank</i> para a construção das árvores.....	51
<b>Tabela 8.</b> Sequência e referência dos <i>primers</i> utilizados nas amplificações por PCR.....	52
<b>Tabela 9.</b> Porcentagem de bases das sequências analisadas por marcador utilizado. Cálculos realizados no programa MEGA 6.06.....	60
<b>Tabela 10.</b> Porcentagem de bases púricas, bases pirimídicas, transições, transversões. Razão das taxas de transições/transversões, das taxas de transversões/transições por marcadores com seus respectivos valores de viés. Cálculos realizados no programa MEGA 6.06.....	60
<b>Tabela 11.</b> Número total de bases das sequências por marcador. Número total de sítios conservados, de sítios variáveis e de sítios filogeneticamente informativos por marcador. Cálculos realizados no programa MEGA 6.06.....	61
<b>Tabela 12.</b> Probabilidade de substituições nucleotídicas, em valores percentuais, calculadas para todas as amostras, por loco, de acordo com o modelo de substituição de Tamura-Nei (2004). Valores em negrito indicam transições, em itálico transversões, cálculos realizados no programa MEGA 6.06.....	61
<b>Tabela 13.</b> Médias das distâncias par a par das amostras de <i>Attalea</i> e <i>Cocos nucifera</i> ( <i>outgroup</i> )...62	
<b>Tabela 14.</b> Sumário das características das sequências e das estatísticas das árvores (análises de máxima parcimônia).....	73

## ÍNDICE DE FIGURAS

<b>Figura 1.</b> <i>Attalea speciosa</i> (Mart. ex. Spreng.). <b>A.</b> Palmeira na mata (Fonte: Marcelo Mattos Cavallari, 2014). <b>B.</b> Infrutescência (Fonte: Marcelo Mattos Cavallari, 2014). <b>C.</b> Secção de frutos contendo de três a seis sementes (Fonte: Márcia de Faria, 2014).....	5
<b>Figura 2.</b> <i>Attalea barreirensis</i> (Glassman.). <b>A.</b> Palmeira sem estipe (MARTINS, 2013). <b>B.</b> Infrutescência (MARTINS, 2013). <b>C.</b> Fruto seccionado contendo uma semente (MARTINS, 2013).....	6
<b>Figura 3.</b> <i>Attalea eichleri</i> (Drude A. J. Hend.). <b>A.</b> Palmeira sem estipe (MARTINS, 2013). <b>B.</b> Infrutescência (MARTINS, 2013). <b>C.</b> Frutos secos seccionados contendo quatro e cinco sementes (MARTINS, 2013).....	7
<b>Figura 4.</b> <i>Attalea funifera</i> (Mart.). <b>A.</b> Palmeira (SILVEIRA, 2013). <b>B.</b> Infrutescência (SILVEIRA, 2013). <b>C.</b> Fruto seco seccionado com espaço de uma semente (MARTINS, 2013). <b>D.</b> Piaçava utilizada na fabricação de vassouras (GUIMARÃES, 2012).....	8
<b>Figura 5.</b> <i>Attalea maripa</i> (Aubl. Mart.). <b>A.</b> Palmeira (Fonte: Afonso Rabelo, 2013). <b>B.</b> Infrutescência (MARTINS, 2013). <b>C.</b> Frutos secos inteiros e seccionados, contendo sementes variando de 1 a 3 (Fonte: Afonso Rabelo, 2013).....	9
<b>Figura 6.</b> <i>Attalea phalerata</i> (Mart. ex Spreng.). <b>A.</b> Palmeira (Fonte: Marcelo Mattos Cavallari, 2014). <b>B.</b> Infrutescência (MARTINS, 2013). <b>C.</b> Fruto seco seccionado, contendo 3 sementes (MARTINS, 2013).....	10
<b>Figura 7.</b> <i>Attalea vitrivir</i> (Burret.). <b>A.</b> Palmeira (NEVES, 2013). <b>B.</b> Infrutescência (Martins, 2013). <b>C.</b> Fruto seco inteiro (NEVES, 2013). <b>D.</b> Fruto seccionado com 7 sementes (NEVES, 2013).....	11
<b>Figura 8 .</b> <i>Attalea x teixeirana</i> (Bondar.). <b>A.</b> “pindova” (Fonte: Marcelo Mattos Cavallari, 2014). <b>B.</b> “speciosa baixa” (Fonte: Marcelo Mattos Cavallari, 2014). <b>C.</b> “perinã” (Fonte: Marcelo Mattos Cavallari, 2014). <b>D.</b> “eichleri grande” (Fonte: Marcelo Mattos Cavallari, 2014).....	12
<b>Figura 9.</b> Anatomia foliar de <i>Attalea speciosa</i> (Mart. ex Spreng.).....	28
<b>Figura 10.</b> Anatomia foliar de <i>Attalea barreirensis</i> (Glassman.).....	30
<b>Figura 11.</b> Anatomia foliar de <i>Attalea eichleri</i> (Drude A. J. Hend.).....	32
<b>Figura 12.</b> Anatomia foliar de <i>Attalea funifera</i> (Mart.).....	34
<b>Figura 13.</b> Anatomia foliar de <i>Attalea maripa</i> (Aubl. Mart.).....	36
<b>Figura 14.</b> Anatomia foliar de <i>Attalea phalerata</i> (Mart. ex Spreng.).....	38
<b>Figura 15.</b> Anatomia foliar de <i>Attalea vitrivir</i> (Burret.).....	40
<b>Figura 16.</b> Formas das secções foliares transversais onde se encontram as nervuras principais e formas das margens foliares das espécies <i>Attalea</i> estudadas.....	43

<b>Figura 17.</b> Dendograma gerado pelo método UPGMA para o coeficiente de JACCARD para os dados morfológicos obtidos através da anatomia foliar das espécies <i>A. speciosa</i> , <i>A. barreirensis</i> , <i>A. eichleri</i> , <i>A. funifera</i> , <i>A. maripa</i> , <i>A. phalerata</i> e <i>A. vitrivir</i> .....	44
<b>Figura 18.</b> Eficácia da amplificação das sequências por marcador utilizado para as espécies <i>A. speciosa</i> , <i>A. barreirensis</i> , <i>A. eichleri</i> e <i>A. funifera</i> .....	58
<b>Figura 18 (continuação).</b> Eficácia da amplificação das sequências por marcador utilizado para as espécies <i>A. maripa</i> , <i>A. phalerata</i> , <i>A. vitrivir</i> e <i>A. teixeirana</i> .....	59
<b>Figura 19.</b> Distâncias médias K2P intraespecíficas e interespecíficas por espécie de <i>Attalea</i> para o marcador <i>psbA-trnH</i> .....	63
<b>Figura 20.</b> Distribuição das frequências das distâncias médias K2P intraespecíficas e interespecíficas para o marcador <i>psbA-trnH</i> .....	63
<b>Figura 21.</b> Distâncias médias K2P intraespecíficas e interespecíficas por espécies de <i>Attalea</i> para o marcador PRK.....	64
<b>Figura 22.</b> Distribuição das frequências das distâncias médias K2P intraespecíficas e interespecíficas para o marcador PRK.....	64
<b>Figura 23.</b> Distribuição das frequências das distâncias médias K2P intraespecíficas e interespecíficas para o marcador ITS.....	65
<b>Figura 24.</b> Distribuição das frequências das distâncias médias K2P intraespecíficas e interespecíficas para o marcador ITS.....	65
<b>Figura 25.</b> Árvore filogenética de Inferência Bayesiana gerada a partir de sequências do gene <i>matK</i> , mostrando relações entre algumas espécies do gênero <i>Attalea</i> . Todos os valores de probabilidade posterior foram significativos (maiores que 90%). <i>Cocos nucifera</i> (HQ265564.1) foi utilizado como <i>outgroup</i> .....	67
<b>Figura 26.</b> Árvore filogenética de Inferência Bayesiana gerada a partir de sequências do gene <i>rbcL</i> , mostrando relações entre algumas espécies do gênero <i>Attalea</i> . Todos os valores de probabilidade posterior foram significativos (maiores que 90%). <i>Cocos nucifera</i> (AY012507.1) foi utilizado como <i>outgroup</i> .....	68
<b>Figura 27.</b> Árvore filogenética de Inferência Bayesiana gerada a partir de sequências do gene <i>trnL</i> , mostrando relações entre algumas espécies do gênero <i>Attalea</i> . Todos os valores de probabilidade posterior foram significativos (maiores que 90%). <i>Cocos nucifera</i> (AM113647.1) foi utilizado como <i>outgroup</i> .....	69
<b>Figura 28.</b> Árvore filogenética de Inferência Bayesiana gerada a partir de sequências do gene <i>psbA-trnH</i> , mostrando relações entre algumas espécies do gênero <i>Attalea</i> . Todos os valores de probabilidade posterior foram significativos (maiores que 90%). O colchete azul destaca o clado com as espécies <i>A. funifera</i> e <i>A. phalerata</i> . O colchete vermelho destaca uma amostra de <i>A. phalerata</i> de herbário. <i>Cocos nucifera</i> (GQ435464.1) foi utilizado como <i>outgroup</i> .....	70

**Figura 29.** Árvore filogenética de Inferência Bayesiana gerada a partir de sequências do gene ITS, mostrando relações entre algumas espécies do gênero *Attalea*. A maioria dos valores da probabilidade posterior foram significativos (maiores que 90%) O colchete vermelho destaca o clado com as espécies *A. speciosa*, *A. eichleri* e *A. vitrivir*. O colchete azul destaca o clado com as espécies *A. funifera* e *A. barreirensis*. O colchete verde destaca o clado com a espécie *A. phalerata*. *Cocos nucifera* (HQ265515.1) foi utilizado como *outgroup*.....71

**Figura 30.** Árvore filogenética de Inferência Bayesiana gerada a partir de sequências do gene PRK, mostrando relações entre algumas espécies do gênero *Attalea*. A maioria dos valores da probabilidade posterior foram significativos (maiores que 90%). O colchete vermelho destaca o clado com a espécie *A. maripa*. O colchete azul destaca o clado com a espécie *A. funifera*. Os colchetes verde e amarelo destacam os cladros com a espécie *A. barreirensis*. *Cocos nucifera* (AY601235.1) foi utilizado como *outgroup*.....72

**Figura 31.** Árvores filogenéticas de MP geradas a partir de sequências do marcador *psbA-trnH*. A árvore da esquerda foi gerada sem considerar os gaps, enquanto que a árvore da direita foi gerada com a atribuição numérica dos gaps. *Cocos nucifera* (GQ 435464.1) foi utilizado como *outgroup*. O valor indicado acima dos ramos indica a porcentagem de *bootstrap*.....74

## ÍNDICE DE ANEXOS

### Anexo I

**Tabela 15.** Dados morfológicos analisados como presença (1) e ausência (0) das características de cada uma das sete espécies de *Attalea*.....90

### Anexo II

**Tabela 16.** Amostras de *Attalea* com suas respectivas informações de coleta.....93

### Anexo III

**Tabela 17.** Estimativa de distâncias par a par entre as sequências de *Attalea* geradas para o marcador *rbcL* (Kimura 2P).....96

**Tabela 18.** Estimativa de distâncias par a par entre as sequências de *Attalea* geradas para o marcador *matK* (Kimura 2P).....99

**Tabela 19.** Estimativa de distâncias par a par entre as sequências de *Attalea* geradas para o marcador *trnL* (Kimura 2P).....101

**Tabela 20.** Estimativa de distâncias par a par entre as sequências de *Attalea* geradas para o marcador *psbA-trnH* (Kimura 2P).....103

**Tabela 21.** Estimativa de distâncias par a par entre as sequências de *Attalea* geradas para o marcador ITS (Kimura 2P).....105

**Tabela 22.** Estimativa de distâncias par a par entre as sequências de *Attalea* geradas para o marcador PRK (Kimura 2P).....106

### Anexo IV

**Figura 32.** Árvore filogenética de Máxima Parcimônia gerada a partir de sequências do gene *matK*, mostrando relações entre espécies do gênero *Attalea*. O valores de *bootstrap* significativos (maior que 50%) estão representados nos nós. *Cocos nucifera* (HQ265564.1) foi utilizado como *outgroup*. As árvores de consenso de *bootstrap* foram inferidas a partir de 1.000 repetições.....110

**Figura 33.** Árvore filogenética de Máxima Parcimônia gerada a partir de sequências do gene *rbcL*, mostrando relações entre espécies do gênero *Attalea*. O valores de *bootstrap* significativos (maior que 50%) estão representados nos nós. *Cocos nucifera* (AY012507.1) foi utilizado como *outgroup*. As árvores de consenso de *bootstrap* foram inferidas a partir de 1.000 repetições.....111

**Figura 34.** Árvore filogenética de Máxima Parcimônia gerada a partir de sequências do gene *trnL*, mostrando relações entre espécies do gênero *Attalea*. O valores de *bootstrap* significativos (maior que 50%) estão representados nos nós. *Cocos nucifera* (AM113647.1) foi utilizado como *outgroup*. As árvores de consenso de *bootstrap* foram inferidas a partir de 1.000 repetições.....112

**Figura 35.** Árvore filogenética de Máxima Parcimônia gerada a partir de sequências do gene ITS, mostrando relações entre espécies do gênero *Attalea*. O valores de *bootstrap* significativos (maior que 50%) estão representados nos nós. *Cocos nucifera* (HQ265515.1) foi utilizado como *outgroup*. As árvores de consenso de *bootstrap* foram inferidas a partir de 1.000 repetições.....113

**Figura 36.** Árvore filogenética de Máxima Parcimônia gerada a partir de sequências do gene PRK, mostrando relações entre espécies do gênero *Attalea*. O valores de *bootstrap* significativos (maior que 50%) estão representados nos nós. *Cocos nucifera* (AY601235.1) foi utilizado como *outgroup*. As árvores de consenso de *bootstrap* foram inferidas a partir de 1.000 repetições.....114

**Figura 37.** Árvore filogenética de Máxima Verossimilhança inferida a partir de sequências do gene *matK*, mostrando relações entre algumas espécies do gênero *Attalea*. Os valores significativos (maior que 50%) de *bootstrap* (1.000 repetições) estão representados na na árvore. *Cocos nucifera* (HQ265564.1) foi utilizado como *outgroup*.....115

**Figura 38.** Árvore filogenética de Máxima Verossimilhança inferida a partir de sequências do gene *rbcL*, mostrando relações entre algumas espécies do gênero *Attalea*. Os valores significativos (maior que 50%) de *bootstrap* (1.000 repetições) estão representados na árvore. *Cocos nucifera* (AY012507.1) foi utilizado como *outgroup*.....116

**Figura 39.** Árvore filogenética de Máxima Verossimilhança inferida a partir de sequências do gene *trnL*, mostrando relações entre algumas espécies do gênero *Attalea*. Os valores significativos (maior que 50%) de *bootstrap* (1.000 repetições) estão representados na na árvore. *Cocos nucifera* (AM.113647.1) foi utilizado como *outgroup*.....117

**Figura 40.** Árvore filogenética de Máxima Verossimilhança inferida a partir de sequências do gene *psbA-trnH*, mostrando relações entre algumas espécies do gênero *Attalea*. Os valores significativos (maior que 50%) de *bootstrap* (1.000 repetições) estão representados na árvore. *Cocos nucifera* (GQ435464.1) foi utilizado como *outgroup*.....118

**Figura 41.** Árvore filogenética de Máxima Verossimilhança inferida a partir de sequências do gene PRK, mostrando relações entre algumas espécies do gênero *Attalea*. Os valores significativos (maior que 50%) de *bootstrap* (1.000 repetições) estão representados na árvore. *Cocos nucifera* (AY601235.1) foi utilizado como *outgroup*.....119

**Figura 42.** Árvore filogenética de Máxima Verossimilhança inferida a partir de sequências do gene ITS, mostrando relações entre algumas espécies do gênero *Attalea*. Os valores significativos (maior que 50%) de *bootstrap* (1.000 repetições) estão representados na árvore. *Cocos nucifera* (HQ265515.1) foi utilizado como *outgroup*.....120

## Anexo V

Sequências de *matK*.....121

Sequências de *rbcL*.....127

Sequências de *trnL*.....132

Sequências de ITS.....	137
Sequências de <i>psbA-trnH</i> .....	139
Sequências de PRK.....	144

## SUMÁRIO

RESUMO GERAL.....	v
ABSTRACT.....	vi
ÍNDICE DE TABELAS.....	vii
ÍNDICE DE FIGURAS.....	viii
ÍNDICE DE ANEXOS.....	xi
INTRODUÇÃO.....	1
REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	3
Taxonomia do gênero <i>Attalea</i> .....	3
Aspectos botânicos do babaçu.....	4
<i>Attalea speciosa</i> (Mart. ex. Spreng.).....	5
<i>Attalea barreirensis</i> (Glassman.).....	6
<i>Attalea eichleri</i> (Drude A. J. Hend.).....	7
<i>Attalea funifera</i> (Mart.).....	8
<i>Attalea maripa</i> (Aubl. Mart.).....	9
<i>Attalea phalerata</i> (Mart. ex Spreng.).....	10
<i>Attalea vitrivir</i> (Burret.).....	11
Híbrido – <i>Attalea x teixeirana</i> (Bondar.).....	11
Coco do babaçu.....	13
Anatomia vegetal.....	13
Desenvolvimento do DNA <i>barcode</i> .....	14
Métodos de análise.....	17
UPGMA.....	17
Modelo de Kimura 2-parâmetros (Kimura-2P).....	17
Inferência Bayesiana (IB).....	17
Máximo Verossimilhança (MV).....	18
Máxima Parcimônia (MP).....	18
Método <i>bootstrap</i> .....	18
HIPÓTESES.....	19
JUSTIFICATIVA.....	19
OBJETIVO GERAL.....	20
Objetivos específicos.....	20

## **CAPÍTULO 1 - ANATOMIA FOLIAR VEGETAL NO AUXÍLIO À TAXONOMIA DO COMPLEXO BABAÇU (*Attalea* spp.)**

RESUMO.....	22
ABSTRACT.....	23
INTRODUÇÃO.....	24
MATERIAL E MÉTODOS.....	25
RESULTADOS.....	27
Descrição anatômica.....	27
<i>Attalea speciosa</i> (Mart. ex. Spreng.).....	27
<i>Attalea barreirensis</i> (Glassman.).....	29
<i>Attalea eichleri</i> (Drude A. J. Hend.).....	31
<i>Attalea funifera</i> (Mart.).....	33
<i>Attalea maripa</i> (Aubl. Mart.).....	35
<i>Attalea phalerata</i> (Mart. ex Spreng.).....	37
<i>Attalea vitrivir</i> (Burret.).....	39
DISCUSSÃO.....	41
CONCLUSÃO.....	45

## **CAPÍTULO 2 - APLICAÇÃO E AVALIAÇÃO DE DNA *BARCODE* EM ESPÉCIES DO COMPLEXO BABAÇU (*Attalea* spp.)**

RESUMO.....	47
ABSTRACT.....	48
INTRODUÇÃO.....	49
MATERIAL E MÉTODOS.....	50
Amostragem.....	50
Extração de DNA.....	51
Quantificação de DNA.....	52
Reações de PCR ( <i>Polymerase Chain Reaction</i> ).....	52
Purificação dos produtos de PCR com as enzimas Exonuclease I (EXO I) e Shrimp Alkaline Phosphatase (SAP).....	53
Reação de sequenciamento.....	54
Purificação das reações e sequenciamento.....	55
Análises das sequências.....	55
Modelo de Kimura 2-parâmetros (Kimura-2P).....	55
Cálculo das Distâncias Intraespecíficas e Interespecíficas.....	55

Construção das árvores de Inferência Bayesiana (IB), Máxima Parcimônia (MP) e Máxima Verossimilhança (MV).....	56
RESULTADOS.....	56
Amplificação e sequenciamento das amostras de <i>Attalea</i> .....	56
Frequências nucleotídicas.....	60
Cálculo das distâncias Intraespecíficas e Interespecíficas.....	62
<i>psbA-trnH</i> .....	62
PRK.....	63
ITS.....	64
Análise Bayesiana.....	66
Análise por Máxima Parcimônia.....	73
Máxima Verossimilhança.....	75
DISCUSSÃO.....	75
Amplificação e sequenciamento das amostras de <i>Attalea</i> .....	75
Distâncias Intraespecíficas e Interespecíficas (Kimura 2P).....	76
Árvores de barcode com os métodos de IB, MP e MV.....	77
CONCLUSÕES.....	79
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	80
ANEXOS.....	89

## INTRODUÇÃO

O babaçu (*Attalea* spp.) é uma palmeira endêmica no Brasil de ampla distribuição, sendo encontrado nas regiões Norte, Nordeste, Sudeste e Centro-Oeste, abrangendo desde o Sul da Bacia Amazônica até a vegetação típica dos cerrados. Os estados do Maranhão, Piauí e Tocantins concentram as maiores extensões de matas onde predominam os babaçuais, sendo no Maranhão onde se encontra a maior concentração e exploração (LORENZI *et al.*, 1996; COELHO, 2002; MEIRELLES, 2004; ARAÚJO, 2008; MATOS *et al.*, 2010). Além do Brasil, as palmeiras de babaçu são nativas de Trinidad e Tobago, Colômbia, Venezuela, Suriname, Guiana, Guiana Francesa, Equador, Peru, Bolívia, Paraguai e Peru (HENDERSON *et al.*, 1995 e LORENZI *et al.*, 1996; BALICK & PINHEIRO, 2000; PINTAUD, 2008; CHOO *et al.*, 2010; CORRÊA *et al.*, 2012, BAKER & DRANSFIELD, 2016). O babaçu constitui um recurso natural de elevada importância no nordeste brasileiro e é um dos principais produtos extrativistas do país, contribuindo, de maneira significativa, para a economia de alguns estados da Federação (LIMA *et al.*, 2006; DE MESQUITA, 2015).

O principal produto extraído do babaçu é a amêndoa. Dados do IBGE de 2011 registram que cerca de 100 mil toneladas destas amêndoas são comercializadas no Brasil anualmente (IBGE, 2013). As amêndoas são extraídas manualmente em um sistema caseiro tradicional e de subsistência, cujas responsáveis são popularmente conhecidas como as “quebradeiras de babaçu”, geralmente mulheres acompanhadas de suas crianças (FIGUEIREDO, 2005). A amêndoa quando verde fornece um leite nutritivo e quando madura, o óleo para uso doméstico, tendo também utilização industrial para fabricação de produtos de higiene e perfumaria (LORENZI *et al.*, 1996; LORENZI, 2000; CARRAZZA *et al.*, 2012; BRANDÃO *et al.*, 2002). O mercado nacional de óleo tem consumido 5,5 mil toneladas de óleo comestível de babaçu por ano e as indústrias dos segmentos de higiene, limpeza e cosméticos absorvem cerca de 35 mil toneladas anuais de óleo de babaçu bruto (SOUZA *et al.*, 2011). O babaçu também é utilizado na fabricação de artesanatos, casas e paisagismo, podendo fornecer até 64 diferentes produtos (LORENZI, 2000; SANTOS *et al.*, 2008; GONZÁLES-PÉREZ *et al.*, 2012; COLLARES, 2014). No Maranhão, o extrativismo do babaçu está associado à agricultura familiar e se caracteriza por ser ultra-extensiva. A estimativa é de que haja uma área de 4.722.812 ha efetivamente ocupada e intensiva em mão-de-obra familiar (ALMEIDA, 1995).

A prática da agricultura rudimentar e nômade e a proliferação de projetos agropecuários e industriais podem levar a erradicação destas palmeiras (SANTOS *et al.*, 2008). Além disso,

provocam a diminuição da produtividade ou a redução das reservas de babaçu em locais de maior densidade demográfica (SANTOS *et al.*, 2008).

A conservação e o uso sustentável dos babaçuais são importantes para a preservação deste recurso florestal e também para a economia das regiões endêmicas do gênero. Para fins de conservação *ex situ* das espécies de babaçu e da significativa representatividade da variabilidade genética que elas apresentam, é necessário a criação de novos Bancos Ativos de Germoplasma (BAGs) e a manutenção dos já existentes. A conservação do germoplasma permite acesso a genes que podem ser utilizados como fonte de variabilidade em programas de melhoramento, assim como a reintrodução de material *in situ* (BESPALHOK *et al.*, 2014). Na Embrapa Meio-Norte (Teresina-PI) encontra-se um BAG de aproximadamente 2,5 ha com germoplasma de babaçu, distribuído em duas áreas. Uma delas foi implantada em 1985, atualmente conta com cerca de 140 plantas provenientes das regiões de Tocantins, Maranhão, Teresina e Ceará. A outra área contém germoplasma plantado em 1990 e tem cerca de 300 plantas provenientes da Bolívia, Tocantins, Maranhão, Bahia e Minas Gerais. A partir de 2002, a Embrapa Meio-Norte iniciou um programa de revitalização deste BAG, com o objetivo de cadastrar os acessos e caracterizar as plantas e frutos (SITTOLIN *et al.*, 2008).

A identificação taxonômica do conjunto de espécies de babaçu é complexa, e não há consenso entre os diversos autores, por isso, esse conjunto de espécies é denominado “complexo babaçu”. O desenvolvimento de híbridos naturais entre as espécies, o reduzido número de coletas e a limitada quantidade de estudos anatômicos, morfológicos e moleculares sobre o gênero dificultam a correta identificação taxonômica dessas espécies (ANDERSON & BALICK, 1988; PINTAUD, 2008).

Considerando-se as divergências taxonômicas acerca do gênero *Attalea* e a importância da correta identificação das espécies para programas de melhoramento e conservação, propõe-se a caracterização da anatomia foliar e o estudo com DNA *barcode* de sete espécies do complexo babaçu que ocorrem no Brasil. Esses estudos devem fornecer dados anatômicos e moleculares discriminatórios que possam subsidiar a taxonomia do gênero *Attalea*.

## REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

### Taxonomia do gênero *Attalea*

A taxonomia do gênero *Attalea* é dificultada pela fenologia sazonal destas espécies. A mesma palmeira, dependendo da estação, pode apresentar diferenças morfológicas importantes, como por exemplo nas inflorescências. Além disso, o tamanho do material botânico dificulta a preparação e manutenção das exsicatas (MEDEIROS-COSTA, 1985; PINTAUD, 2008). Muitas espécies foram descritas somente recentemente e são pouco conhecidas. Pintaud (2008) comparou a classificação de três trabalhos de taxonomia (HENDERSON *et al.*, 1995; GLASSMAN, 1999; GOVAERTS & DRANSFIELD, 2005), e verificou que o número de espécies do gênero variou de 29 a 67 entre os autores, enquanto que o número de espécies consenso foi somente de 20.

A principal espécie, *Attalea speciosa*, foi identificada por diferentes autores e classificada com diferentes nomes. A evolução desta classificação está explicitada na Tabela 1. Martius, o primeiro a descrever a espécie, denominou-a *Attalea speciosa* em 1826 (GLASSMAN, 1999). O próprio Martius, em 1844, designou-a como *Orbignya phalerata*.

Drude, em 1881, denominou esta espécie como *Orbignya lydiae*. Barbosa Rodrigues, em 1891, considerou como *Orbignya speciosa*, e, em 1898, como *Orbignya martiana*. O mesmo Barbosa Rodrigues, em 1903, percebeu que suas duas classificações tratavam-se da mesma espécie (ANDERSON & BALICK, 1988; GLASSMAN, 1999; PINTAUD, 2008; CAVALLARI *et al.*, 2016).

Em 1932, *Orbignya speciosa* passou a ser considerada sinônima de *Orbignya martiana* e de *Attalea speciosa*, passando a ser denominada como *Orbignya barbosiana*. Posteriormente, em 1988, Anderson e Balick estudaram a espécie e consideraram o nome *Orbignya martiana* como válido e descartaram o nome *Orbignya speciosa*, mas comparando com a descrição e ilustrações de *Orbignya phalerata* de 1844, eles propuseram novamente o nome *Orbignya phalerata* (CAVALLARI *et al.*, 2016).

Dransfield e colaboradores (2005), considerando muitos trabalhos, apresentaram uma nova classificação filogenética para Arecaceae, e consideraram *Orbignya phalerata* como sinônima de *Attalea speciosa*. Esta publicação foi uma prévia da nova classificação de palmeiras publicada na segunda edição de *Genera Palmarum* (DRANSFIELD *et al.*, 2008; CAVALLARI *et al.*, 2016).

Apesar das recentes publicações sobre o gênero, a taxonomia de *Attalea* ainda é confusa. Assim como *Attalea speciosa*, outras espécies do gênero também apresentam dificuldade para a

correta identificação e classificação. A correta identidade e de muitas espécies ainda precisam ser averiguadas. Novos estudos, incluindo análises de DNA, podem ajudar a solucionar as dificuldades e inconsistências de classificação taxonômica remanescentes. Esses trabalhos citados são de grande importância, pois procuram esclarecer a taxonomia do gênero *Attalea* (CAVALLARI *et al.*, 2016).

**Tabela 8.** Classificação da espécie *Attalea speciosa* com os respectivos autores e datas (CAVALLARI *et al.*, 2016).

<b>Autor</b>	<b>Data</b>	<b>Nome</b>	<b>Referência</b>
<b>Martius</b>	1826	<i>Attalea speciosa</i>	GLASMAN, 1999
<b>Martius</b>	1844	<i>Orbignya phalerata</i>	GLASMAN, 1999
<b>Drude</b>	1881	<i>Orbignya lydiae</i>	GLASMAN, 1999
<b>Barbosa Rodrigues</b>	1891	<i>Orbignya speciosa</i>	GLASMAN, 1999
<b>Barbosa Rodrigues</b>	1898	<i>Orbignya martiana</i>	ANDERSON & BALICK, 1988; GLASMAN, 1999 e PINTAUD, 2008
<b>Barbosa Rodrigues</b>	1903	<i>Orbignya martiana</i> = <i>Orbignya speciosa</i>	GLASMAN, 1999
	1932	<i>Orbignya speciosa</i> = <i>Orbignya martiana</i> = <i>Attalea</i> <i>speciosa</i> → <i>Orbignya barbosiana</i>	GLASMAN, 1999
<b>Anderson e Ballick</b>	1988	<i>Orbignya phalerata</i>	ANDERSON & BALICK, 1988
<b>Govaerts &amp; Dransfield</b>	2005	<i>Attalea speciosa</i>	GOVAERTS & DRANSFIELD, 2005

### Aspectos botânicos do babaçu

A família Arecaceae apresenta cerca de 1.500 espécies distribuídas em mais de 200 gêneros, popularmente chamadas palmeiras (REITZ, 1974; HENDERSON *et al.*, 1995; LORENZI *et al.*, 1996). *Attalea* é um gênero da família Arecaceae, composto por cerca de 29 espécies, ainda não totalmente delimitado. Está distribuído principalmente nas regiões tropicais e subtropicais, com poucas espécies nas zonas temperadas quentes (HENDERSON *et al.*, 1995). Várias espécies apresentam hibridização interespecífica, o que representa uma dificuldade para o entendimento do grupo (PINTAUD *et al.*, 2008).

***Attalea speciosa* (Mart. ex. Spreng.)**

*Attalea speciosa* é considerada o babaçu no sentido restrito (Figura 1-A). Trata-se de uma das espécies com maior importância na subsistência de muitas comunidades tradicionais. Tem sido vista como uma das espécies vegetais de maior potencial para a produção do biodiesel (LIMA *et al.*, 2007). É uma palmeira com estipe solitário. A coroa foliar é constituída por 12 a 20 folhas que apresentam pinas, inseridas em diferentes planos, com bráctea peduncular. A raque da folha pode ser curva no ápice e as pinas apresentam nervuras transversais conspícuas. A inflorescência andrógina ramificada ou não ramificada apresenta flores estaminada. A inflorescência estaminada apresenta um número maior de ráquulas que a inflorescência andrógina (MARTINS, 2013). Os frutos possuem de 10-12 cm de comprimento, casca dura, marrom, com polpa seca, farinhenta e de coloração creme na maturidade. Contém de 1-8 sementes oleaginosas (Figura 1, B e C).



**Figura 1.** *Attalea speciosa* (Mart. ex. Spreng.). **A.** Palmeira na mata (Fonte: Marcelo Mattos Cavallari, 2014). **B.** Infrutescência (Fonte: Marcelo Mattos Cavallari, 2014). **C.** Secção de frutos contendo de três a seis sementes (Fonte: Márcia de Faria, 2014).

A área estimada de ocorrência é de 200.000 km<sup>2</sup> (MAY *et al.*, 1985). Distribui-se amplamente no sul da região Amazônica, estando além do Brasil presente na Bolívia, Guiana e Suriname (BALICK & PINHEIRO, 2000). No Brasil está presente nos estados do Maranhão, Piauí, Tocantins, Ceará, Pará, Amazonas, Rondônia, Mato Grosso, Goiás e Minas Gerais (ANDERSON *et al.*, 1991).

***Attalea barreirensis* (Glassman.)**

A espécie *A. barreirensis* não apresenta estipe (Figura 2, A). Possui anteras retas, pinas inseridas em grupo e em diferentes planos (MARTINS, 2013). A raque foliar apresenta revestimento esbranquiçado e adpresso. O número de pétalas das flores estaminadas varia de 3-4 (MARTINS, 2013). A espécie é endêmica do Brasil, ocorrendo no Cerrado, nos estados do Piauí, Bahia e Goiás (LEITMAN *et al.*, 2014). Apresenta fruto ovoide, castanho, 6-7 x 4-4,5 cm, contendo número variável de sementes (Figura 2, B e C) (MARTINS, 2013).



**Figura 2.** *Attalea barreirensis* (Glassman.). **A.** Palmeira sem estipe (MARTINS, 2013). **B.** Infrutescência (MARTINS, 2013). **C.** Fruto seccionado contendo uma semente (MARTINS, 2013).

É uma espécie nativa do Brasil. De acordo com Lorenzi e colaboradores (2010) a espécie, até o momento, foi encontrada apenas nas áreas de cerrados não cultivados, estando presente no oeste da Bahia, nordeste de Goiás e sudoeste de Tocantins.

***Attalea eichleri* (Drude A. J. Hend.)**

*A. eichleri* (Drude A. J. Hend.), além de não apresentar estipe (Figura 3, A), apresenta pinas com nervuras secundárias evidentes na face adaxial e nervuras transversais às vezes conspícuas (MARTINS, 2013). As ráquulas e as flores estão dispostas em apenas um lado da raque e das ráquulas, respectivamente. As flores estaminadas apresentam frequentemente duas pétalas; as pétalas muitas vezes dobram-se para dentro, tornando o androceu exposto como uma janela na face lateral da flor. As flores pistiladas podem ocorrer em díades, às vezes pediceladas e com o ovário recoberto por denso tomento esbranquiçado (MARTINS, 2013). Apresenta fruto ovoide, castanho claro amarelado, 5-8 x 3,5-5,5 cm (Figura 3, B e C); podendo conter de 2-7 sementes.



**Figura 3.** *Attalea eichleri* (Drude A. J. Hend.). **A.** Palmeira sem estipe (MARTINS, 2013). **B.** Infrutescência (MARTINS, 2013). **C.** Frutos secos seccionados contendo quatro e cinco sementes (MARTINS, 2013).

É uma espécie nativa da Bolívia e do Brasil. Ocorre nas regiões leste e sudoeste do estado do Maranhão e sul do município de Teresina no estado do Piauí (PINHEIRO, 1986).

### *Attalea funifera* (Mart.)

*A. funifera* é uma palmeira conhecida como pena de palma, que atinge de 12 a 5 m de altura, com até 12 m de comprimento (Figura 4, A). Sua fibra é usada para fabricação de escovas e vassouras duras (vassoura de piaçava) (Figura 4 - D) (MARTINS, 2013). Apresenta período de crescimento perene. Os frutos apresentam coloração esverdeada para dourado, de 10-15 cm de diâmetro e casca lisa e dura. A polpa dos frutos é macia, esbranquiçada e ligeiramente oleosa, dotados de 1-3 sementes (Figura 4, B e C) (Site: Um pé de que, 2016; MARTINS, 2013). É encontrada principalmente em florestas secas (BALICK *et al.*, 1986). Ocorre ao longo da costa Atlântica, da Bahia a Alagoas (LORENZI *et al.*, 1996).



**Figura 4.** *Attalea funifera* (Mart.). **A.** Palmeira (SILVEIRA, 2013). **B.** Infrutescência (SILVEIRA, 2013). **C.** Fruto seco seccionado com espaço de uma semente (MARTINS, 2013). **D.** Piaçava utilizada na fabricação de vassouras (GUIMARÃES *et al.*, 2012).

É uma espécie nativa do Brasil. Ocorre nas regiões nordeste e sudoeste, ao longo da costa Atlântica, da Bahia a Alagoas (LORENZI *et al.*, 1996).

***Attalea maripa* (Aubl. Mart.)**

*A. maripa* é uma palmeira de porte mediano, estipe solitário anelado, medindo de 3 a 20 metros de altura, com tronco de 15 a 25 cm de diâmetro (Figura 5, A). Suas folhas são rígidas, eretas e arrançadas em espiral no ápice do estipe, de 5 a 8 m de comprimento, dispostas em cinco direções. O pecíolo das folhas é alongado e possui as margens afiadas e cortantes (LORENZI *et al.*, 2000). O tamanho médio do fruto é de 5,23 cm de comprimento e 2,59 cm de diâmetro; com forma geral ovoide. Apresenta de 1-3 sementes por fruto com variações no formato e tamanho (Figura 5, B e C) (ARAÚJO *et al.*, 2000).



**Figura 5.** *Attalea maripa* (Aubl. Mart.). **A.** Palmeira (Fonte: Afonso Rabelo, 2013). **B.** Infrutescência (Fonte: Afonso Rabelo, 2013). **C.** Frutos secos inteiros e seccionados, contendo sementes variando de 1 a 3 (Fonte: Afonso Rabelo, 2013).

*A. maripa* ocorre em Trinidad e Tobago, no norte da Bolívia, Colômbia, Venezuela, Guiana, Suriname, Guiana Francesa, Equador, Peru e Brasil. É encontrada em florestas de várzea, em solos que normalmente não estão inundados (HENDERSON *et al.*, 1995 e LORENZI *et al.*, 1996).

***Attalea phalerata* (Mart. ex Spreng.)**

*A. phalerata* possui o estipe totalmente coberto pelas bainhas foliares (Figura 6, A). A raque da folha pode ser curva no ápice e as pinas apresentam nervuras transversais conspícuas. A inflorescência estaminada apresenta um número maior de ráquulas que a inflorescência andrógina. Estas flores se apresentam em dois tamanhos distintos, as maiores solitárias e as menores enfileiradas, em maior número (CORRÊA *et al.*, 2012). As flores estaminadas frequentemente possuem duas pétalas, que se enrolam no ápice e formam uma abertura lateral; sépalos e pétalas podem apresentar tomento na face externa (MARTINS, 2013). O fruto, presente ao longo de todo ano, apresenta forma elipsoide-oblonga, possuem entre 1 e 4 sementes (Figura 6, B e C).

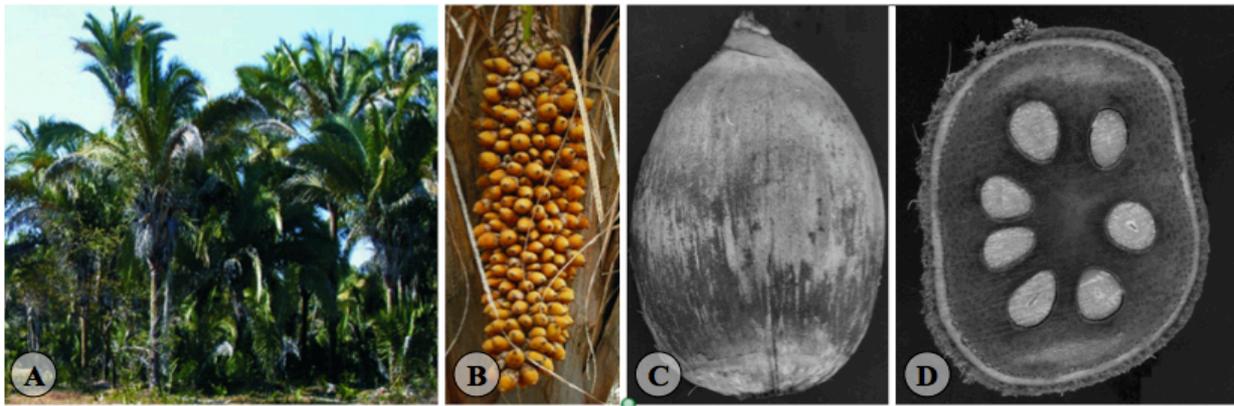


**Figura 6.** *Attalea phalerata* (Mart. ex Spreng.). **A.** Palmeira (Fonte: Marcelo Mattos Cavallari, 2014). **B.** Infrutescência (MARTINS, 2013). **C.** Fruto seco seccionado, contendo 3 sementes (MARTINS, 2013).

É nativa do Brasil, Bolívia, Paraguai, Colômbia e Peru, onde cresce no sul e oeste da Amazônia. É a palmeira mais comum no Pantanal (CHOO *et al.*, 2010; CORRÊA *et al.*, 2012).

### *Attalea vitrivir* (Burret.)

*A. vitrivir* apresenta o estipe solitário, colunar, com aparência de taça (Figura 7, A). Apresenta cerca de 10 a 20 m de altura e estipe com 30 a 50 cm de diâmetro. Os frutos medem de 10 a 14 cm de comprimento; com mesocarpo branco, farináceo e seco; endocarpo lenhoso, com feixes de fibras mais ou menos conspícuos e possuem entre 4 e 8 sementes, com endosperma branco e muito oleoso (LORENZI, 2010) (Figura 7, B, C e D).



**Figura 7.** *Attalea vitrivir* (Burret.). **A.** Palmeira (NEVES, 2013). **B.** Infrutescência (MARTINS, 2013). **C.** Fruto seco inteiro (NEVES, 2013). **D.** Fruto seccionado com 7 sementes (NEVES, 2013).

É encontrada nos estados de Minas Gerais e Bahia, e é nativa da região norte de Minas Gerais e sudoeste da Bahia. Há expressiva ocorrência de populações de *A. vitrivir* em regiões com grande sazonalidade hídrica, no domínio dos Cerrados (LORENZI, 1996).

### **Híbrido – *Attalea x teixeirana* (Bondar.)**

*A. x teixeirana* (Bondar.) representa híbridos entre as espécies *A. speciosa* e *A. eichleri*. As características destes híbridos dependem de quanto eles se parecem com as espécies parentais, e podem ser classificadas como: “pindova”, “speciosa baixa”, “perinã” e “eichleri grande”. Na Figura 8 observa-se um exemplar de cada um dos tipos de híbridos. Na Tabela 2 estão apresentadas as principais características de cada tipo de híbrido.

**Tabela 9.** Tipos de híbridos de *A. x teixeirana* (Bondar.) com suas respectivas características .

Híbridos	Características
“pindova”	Plantas sem estipe, com muitas folhas grandes típicas de <i>A. speciosa</i> , eretas, como em pindovas dessa espécie, e que se passariam por capoterias ou pindovas grandes, se não fosse a presença de grandes cachos de cocos, denunciando sua maturidade.
“speciosa baixa”	Palmeira muito baixa, com aparência de <i>A. speciosa</i> , com bainhas persistentes desde a base.
“perinã”	São palmeiras altas, de mais de 6 metros. Distinguem-se pelas bainhas persistentes, cachos em alturas relativamente baixas, e curvados na ponta, com folhas menores, e bainhas menores do que em <i>A. speciosa</i> .
“eichleri grande”	Nesse padrão, observa-se uma planta com características de <i>A. eichleri</i> , porém com grandes dimensões de folhas e partes férteis.



**Figura 8 .** *Attalea x teixeirana* (Bondar.). **A.** “pindova” (Fonte: Marcelo Mattos Cavallari, 2014). **B.** “speciosa baixa” (Fonte: Marcelo Mattos Cavallari, 2014). **C.** “perinã” (Fonte: Marcelo Mattos Cavallari, 2014). **D.** “eichleri grande” (Fonte: Marcelo Mattos Cavallari, 2014).

## **Coco do babaçu**

O coco do babaçu produz amêndoas oleaginosas e comestíveis das quais se extrai um óleo, empregado, sobretudo, na alimentação, produção de medicamentos e cosméticos e é objeto de pesquisas avançadas para a fabricação de biocombustíveis (ARAÚJO, 2008). Além disso, estas palmeiras e seus frutos são utilizados na construção de casas, artesanato e paisagismo (LORENZI, 2000; SANTOS *et al.*, 2008).

As amêndoas são extraídas manualmente em um sistema caseiro tradicional e de subsistência e constituem o principal produto de extrativismo de valor mercantil e industrial da espécie (FIGUEIREDO, 2005). Apenas no estado do Maranhão a extração das amêndoas envolve o trabalho de mais de 300 mil famílias (FIGUEIREDO, 2005).

## **Anatomia vegetal**

Características da morfologia foliar podem ser resultado de fatores ambientais, assim como diferenças típicas de cada espécie. Relações ecológicas, taxonômicas e filogenéticas podem ser elucidadas através da anatomia vegetal (STACE, 1965). Diferenças na anatomia foliar têm se mostrado úteis na definição de grupos, especialmente subfamílias, onde vários caracteres são constantes e diagnósticos (ELLIS *et al.*, 1987; DE OLIVEIRA *et al.*, 2008). Estudos anatômicos auxiliam na classificação das palmeiras ao demonstrar variação nas estruturas internas e externas, determinando características diagnósticas eficazes das espécies (UHL & DRANSFIELD, 1987).

Adaptações ou modificações anatômicas foliares podem ser decorrentes de níveis variados de luz e estão relacionadas a processos vitais, como fotossíntese e transpiração. Além dos fatores ligados à estrutura anatômica interna das folhas, também é importante o estudo das características morfológicas da superfície foliar, na medida em que elas influenciam variáveis como a quantidade de luz absorvida ou refletida pela folha, a transpiração estomática e cuticular, além de estarem envolvidas nos mecanismos de defesa contra parasitas e patógenos (MARTIN & JUNIPER, 1970).

Santos e colaboradores (2011) compararam a anatomia foliar de *A. barreirensis* e *A. geraensis*. Ambas as espécies se encontram no cerrado brasileiro, e sua separação anteriormente era feita somente através de caracteres morfológicos observados em flores estaminadas. Foram observadas diferenças no corte paradérmico: *A. barreirensis* apresentou-se anfiestomática e *A. geraensis* hipoestomática. Em secção transversal, *A. barreirensis* apresentou hipoderme descontínua pela presença de esclerênquima na forma de feixes de fibras em ambas as faces epidérmicas, feixes vasculares distribuídos na porção mediana do mesófilo e parênquima aquífero na nervura mediana formado por células globosas, enquanto *A. geraensis* apresentou hipoderme contínua presente apenas

na epiderme adaxial, feixes vasculares voltados mais à face abaxial e parênquima aquífero na nervura mediana formado por células alongadas.

Alvarado e Jáuregui (2011) estudaram a anatomia da raque e lâmina foliar de *A. maripa* e *A. butyracea*, ambas coletadas no mesmo ambiente, “bosque húmedo de Río Claro”, estado de Lara, Venezuela. Essas espécies apresentam muitas semelhanças estruturais em seu estágio inicial de desenvolvimento, o que gera dificuldade de reconhecimento no campo. Os autores tinham como objetivos comparar caracteres anatômicos foliares que permitissem a determinação das espécies nestas fases iniciais e a obtenção de informações que elucidassem perguntas taxonômicas relacionados com o grupo. As duas espécies apresentaram várias características comuns, mas distinguem-se pela largura das regiões costais e intercostais na epiderme abaxial, no número de camadas da hipoderme, na presença de ráfides, no número de vasos no metaxilema, entre outras características.

Lopes e colaboradores (2013) estudaram a anatomia foliar de *A. microcarpa*, relatando acúmulo de esclerênquima, o que caracteriza a planta como escleromórfica, cutícula espessa e incremento de fibras.

O conhecimento das características morfológicas e anatômicas das folhas de palmeiras é importante para o entendimento das suas estruturas, para avaliar interações ou mudanças evolutivas, além de fornecer subsídios para classificação deste grupo de plantas (TOMLINSON, 1990). A identificação correta das espécies é necessária para conservação da variabilidade das espécies e obtenção de informações sobre as características de interesse de cada espécie a ser utilizada em melhoramento. O estudo anatômico das espécies de *Attalea* propostas neste trabalho visa obter informações que contribuam na classificação taxonômica das espécies deste gênero, auxiliando diretamente os programas de conservação e os programas de melhoramento.

### **Desenvolvimento e aplicação de DNA *barcode***

O sistema de identificação molecular por DNA *barcode* foi proposto por Hebert e colaboradores (2003) e consiste na utilização de uma pequena sequência de DNA para a discriminação de todas as espécies vivas do planeta como um sistema “bioidentificador” universal (CARVALHO, 2008), equivalente ao “código-de-barras”.

A técnica de DNA *barcode* auxilia na identificação rápida e eficiente das espécies (HEBERT *et al.*, 2003). O principal pressuposto para a efetividade do DNA *barcode* é que as divergências intraespecíficas sempre sejam menores que as interespecíficas. A monofilia recíproca das espécies

seria o principal determinante para a existência deste pressuposto (ORTIZ, 2010). O principal objetivo do DNA *barcode* é estabelecer um recurso que identifique e monitore a biodiversidade, podendo auxiliar na taxonomia.

Em 2004 foi criado o CBOL: *Consortium for the Barcode of Life*. O loco da Citocromo Oxidase 1 – COI se mostrou bastante eficiente para animais. Em 2007, Kress e Erickson recomendaram as regiões *rbcL* e *trnH-psbA* como regiões universais de DNA *barcode* em plantas terrestres. Em 2009, o Plant Working Group - CBOL procurou oferecer um padrão comparando o desempenho de sete regiões de DNA plastidial, sugerindo que duas áreas são recomendadas para plantas: *rbcL* e *matK* (CBOL PLANT WORKING GROUP, 2009).

Lahaye e colaboradores (2008) realizaram estudos com amostras de dois *hotspots* de intensa biodiversidade localizados na Mesoamérica e África do Sul, usando cerca de 1600 amostras, e compararam oito regiões de *barcode*. Como resultado, identificaram uma porção do gene plastidial *matK* como um *barcode* universal para plantas com flores.

Hollingsworth e colaboradores (2011) revisaram o processo de seleção para escolha de *barcode* em alguns gêneros. Constataram que o sucesso discriminatório das regiões *barcode* em plantas é claramente menor que em animais, mas a despeito das dificuldades, regiões *barcode* provaram-se extremamente úteis para numerosas aplicações como ecologia forense, identificação de materiais comercializados, identificações taxonômicas e descobertas de espécies em alguns grupos.

O grupo *China Plant Barcode of Life*, em 2011, forneceu um conjunto de dados robusto ao abordar esta questão. O Instituto de Botânica de Kunming (China) analisou uma matriz de sequências com 6.286 amostras de 1.757 espécies e 75 famílias de plantas com sementes na China. Utilizaram os *barcodes* plastidiais *rbcL*, *matK* e *psbA-trnH*, e os espaçadores internos transcritos do DNA ribossômico nuclear (nrDNA ITS). Com este conjunto de dados avaliaram a universalidade dos marcadores, a qualidade das sequências e o poder discriminatório entre as espécies. A maior descoberta a partir deste estudo refere-se ao marcador ITS, que apesar de ter *primers* que amplificaram consistentemente em menos indivíduos do que os marcadores plastidiais, apresentou um maior poder discriminatório. O marcador ITS também apresenta algumas dificuldades em seu uso, como propensão a amplificar contaminações fúngicas, cópias de genes paralelas e baixa qualidade de sequenciamento. O grupo China Plant BOL concluiu que os benefícios do uso de nrDNA ITS são maiores que suas desvantagens, e que esta abordagem irá melhorar a capacidade de distinção entre espécies de plantas (HOLLINGSWORTH *et al.*, 2011; CHINA PLANT BOL GROUP, 2011). O uso do marcador ITS para identificações em nível de espécie fornece uma base de dados adequada para comparações. Mesmo com suas limitações reconhecidas, é um excelente candidato como um loco eficaz para DNA *barcoding* em plantas. No entanto, o reconhecimento de

que ITS tem certas limitações funcionais para o DNA *barcode* de plantas é um argumento convincente de que é necessária a busca adicional de locos (KRESS *et al.*, 2005). Com esses estudos, fica claro que para grupo de plantas, ao nível de famílias ou gêneros, o marcador ideal ou o conjunto deles ainda deve ser identificado.

Em animais, o gene mitocondrial COI está bem estabelecido como DNA *barcode*, porém em plantas uma padronização ainda não foi determinada (HEBERT *et al.*, 2003; FORD *et al.*, 2009; KRESS *et al.*, 2009). A associação dos *primers* de *barcode* com *primers* comumente utilizados para trabalhos de filogenia podem produzir avaliações mais robustas (KRESS & ERICKSON 2007; CBOL - PLANT WORKING GROUP, 2009). O *primer* PRK (phosphoribulokinase - enzima do ciclo de Calvin) (LEWIS & DOYLE, 2002; THOMAS, 2006) e o *primer* RPB2 (polimerase II subunidade B) (RONCAL *et al.*, 2005; THOMAS, 2006) foram utilizados para análises filogenéticas com Arecaceae. Ambas as regiões produzem um número substancial de caracteres informativos, gerando árvores com amplo suporte estatísticos. Eiserhardt e colaboradores (2011) apresentaram uma filogenia de 41 espécies de Bactridinae com 3 marcadores moleculares (PRK, RPB2, ITS) e encontraram boa resolução na separação de cinco gêneros. Norup e colaboradores (2006) examinaram dois gêneros da família Arecaceae, *Heterospatha* e *Rhopaloblaste*, usando estes dois genes nucleares. Os autores ratificaram a distinção entre estes dois gêneros. Os resultados apresentaram implicações não só para os dois gêneros em foco, mas também têm sido úteis para a nova classificação da família.

Para que um loco de DNA seja considerado como *barcode*, é necessário que apresente diferenças significativas entre cada espécie estudada. A variabilidade entre espécies deve ser maior que dentro da espécie (HEBERT *et al.*, 2003). O cenário ideal para a taxonomia molecular é a identificação de uma única região universal, capaz de diferenciar todas ou grande parte das espécies de um reino, a exemplo da COI para animais. Entretanto, em virtude da complexidade das famílias e gêneros de plantas, essa região universal ainda não foi identificada para este grupo. Diante do exposto, propõe-se neste trabalho identificar um loco ou um conjunto de locos capaz de discriminar cada espécie em análise. Este loco ou conjunto de locos deve ser capaz de diferenciar as espécies do gênero *Attalea*, em virtude do alto polimorfismo entre elas, e ao mesmo tempo apresentar menor ou nenhuma variabilidade intraespecífica.

## Métodos de análises

### UPGMA

O método UPGMA é baseado em distâncias genéticas (ou similaridades). Este método define a distância entre grupamentos como a distância média entre os pares. É baseado no conceito de que mutações espontâneas se acumulam a uma velocidade constante ao longo do tempo evolutivo em um determinado gene. No método UPGMA, o par de sequências (ou grupo de sequências) a ser agrupado primeiro é aquele que apresenta a menor distância entre todos os pares (ou grupos) de sequências. O ponto de ramificação é definido como a média da distância entre o par de sequências (ou grupo de sequências) (SNEATH & SOKAL, 1973).

### Modelo de Kimura 2-parâmetros (Kimura-2P)

Transições e transversões são termos usados para se referir a substituições únicas envolvendo nucleotídeos de tipos químicos iguais ou diferentes, com as transições referindo-se às substituições de uma purina por outra purina ou de uma pirimidina por outra pirimidina e as transversões constituindo-se nas substituições envolvendo pirimidinas por purinas ou vice-versa (Tabela 3). O método de distância de Kimura 2P é empregado para avaliar a distância genética entre as sequências, assumindo que a taxa de transições é diferente da taxa de transversões (KIMURA, 1980).

**Tabela 10.** Tabela de substituições nucleotídicas.

	Transições	Transversões
Substituições	A↔G; T↔C	A↔T; A↔C; G↔T; G↔C

As distâncias de K2P podem ser utilizadas para calcular as distâncias intraespecíficas e interespecíficas de um determinado grupo amostral.

### Inferência Bayesiana (IB)

A IB realiza buscas independentes, que ocasionalmente trocam informações. O teorema de Bayes permite calcular a probabilidade de um modelo (topologia da árvore e modelo evolutivo) a partir dos resultados que produz, a que se chama probabilidade posterior. Esta análise utiliza

simulações de cadeias de Markov, nas quais todos os parâmetros do modelo são tratados como variáveis aleatórias, gerando várias árvores com aproximadamente a mesma probabilidade. As árvores de menor probabilidade são eliminadas e a árvore final é um consenso das árvores de maior probabilidade de serem explicadas pelas sequências (RONQUIST & HUELSENBECK, 2003; LARGET *et al.*, 2005).

### **Máximo Verossimilhança (MV)**

Na análise de MV, a árvore gerada é a que maximiza a probabilidade de se chegar à matriz construída com o alinhamento das sequências. O método calcula as probabilidades de acordo com um modelo previamente estabelecido, no qual a expressão matemática, mas não os valores dos parâmetros, são conhecidos a priori, otimizando todos os parâmetros desse modelo até que se obtenha o máximo de probabilidade global. Este modelo é obtido através de programas que analisam a frequência das bases. Os sítios evoluem independentemente – Todos os sítios seguem o mesmo processo de substituição – As probabilidades de substituição não mudam com o tempo (elas podem variar entre os ramos) (FELSENSTEIN, 1981).

### **Máxima Parcimônia (MP)**

Na análise de MP, a hipótese apresentada baseia-se na árvore que requer o menor número de passos para ser gerada. Supõe que o caminho evolutivo mais provável é o mais simples, que se explica com o menor número de mudanças (substituições). A premissa básica é que os caracteres em comum (sinapomorfias) são herdados de ancestrais comuns. Os caracteres invariáveis em todos os táxons são ignorados pelo método. Os que apresentam variação em apenas um táxon, apesar de serem diferentes, não são considerados informativos, sendo ignorados pelo método (ALBERT, 2005).

### **Método *bootstrap***

Um dos métodos utilizados para estimar a confiança de uma árvore é o *bootstrap*. Consiste em um teste estatístico para medir o grau de suporte dos nós nas árvores filogenéticas pelo alinhamento das sequências. O valor de *bootstrap* representa o número de vezes, em porcentagem, que o agrupamento ocorreu nas replicações do método em questão. Um valor de *bootstrap* para cada nó pode ser chamado de nível de confiança da ocorrência para um determinado clado (agrupamento).

Este método não avalia a exatidão de uma árvore, somente indica a consistência e estabilidade de clados individualmente (FELSENSTEIN, 1985).

## HIPÓTESES

- Dados morfo-anatômicos foliares podem ser utilizados na diferenciação das sete espécies de babaçu estudadas;
- Existem *barcodes* de DNA capazes de discriminar as sete espécies de babaçu estudadas.

## JUSTIFICATIVA

O babaçu compreende um complexo de espécies nativas do Brasil de interesse econômico. Está entre os cinco produtos extrativistas que se destacam como produto florestal não madeireiro no Brasil (IBGE 2010). Consiste em uma das melhores fontes alternativas de energia renovável. As amêndoas extraídas de seus frutos são os principais produtos, com valor mercantil e industrial.

Para o desenvolvimento de programas de melhoramento, programas de conservação eficientes (*in situ* e *ex situ*) e para um manejo sustentável é necessário conhecer as espécies, suas características ecológicas e a estrutura genética populacional. A classificação das espécies do complexo babaçu é controversa e precisa ser esclarecida. Ferramentas como estudos morfológicos associados a estudos genéticos podem ser utilizadas para auxiliar nesse esclarecimento.

Os marcadores morfológicos são classicamente utilizados para a caracterização e distinção entre as espécies. Estudos anatômicos foliares podem promover uma classificação elucidativa das espécies. Considerando a restrita literatura sobre a anatomia de *Attalea*, a caracterização estrutural das folhas das espécies estudadas auxiliará no conhecimento anatômico e na indentificação das espécies deste gênero.

Estudos de DNA *barcode* podem auxiliar na classificação correta das espécies. O DNA *barcode* fornece um método rápido, preciso e automático para identificação das espécies utilizando regiões do DNA padronizadas (HEBERT *et al.*, 2003). A identificação de regiões *barcode* auxiliará na correta identificação das espécies estudadas do gênero *Attalea*.

Neste estudo serão utilizados marcadores moleculares do tipo *barcode* e serão efetuados estudos morfo-anatômicos foliares de sete espécies de babaçu: *A. barreirensis*, *A. eichleri*, *A. funifera*, *A. maripa*, *A. phalerata*, *A. speciosa* e *A. vitrivir*.

## **OBJETIVO GERAL**

Desenvolver e disponibilizar técnicas moleculares e anatômicas que auxiliem na identificação de sete espécies de babaçu e na caracterização da diversidade genética, de forma a subsidiar a taxonomia do gênero, a conservação da diversidade genética *in situ* e *ex situ* e programas de melhoramento.

### **Objetivos Específicos**

- Analisar e descrever caracteres anatômicos das folhas de sete espécies de babaçu, procurando descrever características capazes de separar *táxons* e de identificar características estruturais relacionadas ao ambiente em que vivem.
- Identificar marcadores moleculares *barcode* eficientes na discriminação das sete espécies estudadas.
- Disponibilizar essas metodologias para estudos anatômicos e moleculares que contribuam para ampliar o conhecimento das espécies desse gênero.

# CAPÍTULO 1

---

---

**ANATOMIA FOLIAR VEGETAL NO AUXÍLIO À TAXONOMIA DO  
COMPLEXO BABAÇU (*Attalea* spp.)**

## RESUMO

O estudo anatômico das espécies de *Attalea* propostas neste trabalho visa obter informações que ajudem na classificação taxonômica das espécies, o que contribui diretamente para os programas de conservação e programas de melhoramento. Folhas de sete espécies de babaçu foram analisadas: *A. speciosa*, *A. barreirensis*, *A. eichleri*, *A. funifera*, *A. maripa*, *A. phalerata* e *A. vitrivir*. As espécies estudadas apresentaram epiderme unisseriada. Tanto na face adaxial quanto na face abaxial, as células epidérmicas apresentam forma retangular e trapezoide, a espécie *A. speciosa* apresentou ondulações nas paredes das células epidérmicas. Em todas as espécies ambas as faces são revestidas por uma cutícula, sendo que a cutícula da face adaxial é mais espessa que a da face abaxial. Cicatrizes de tricomas tectores glandulares são encontrados tanto na face adaxial quanto na face abaxial de todas as espécies. Foi observado um complexo estomático tetracítico em todas as espécies de *Attalea* estudadas, sendo classificadas como folhas hipoestomáticas com exceção de *A. barreirensis*, que é anfiestomática. Os estômatos são organizados em fileiras longitudinais paralelas ou perpendiculares às nervuras. As células subsidiárias polares das espécies *A. speciosa*, *A. barreirensis*, *A. eichleri*, *A. phalerata* e *A. vitrivir* apresentaram formato reniforme. As das espécies *A. funifera* e *A. maripa* apresentaram formato trapezoide. Todas apresentaram mesofilos dorsiventrais, com 1-3 camadas de parênquima paliçádico e cerca de quatro a oito camadas de parênquima esponjoso. As células do tecido esponjoso são isodiamétricas, ocorrendo esporadicamente células de aspecto retangular. Foram observados corpos silicosos no mesofilo de *A. maripa*. A nervura central possui um tecido de expansão, multiestratificado, com três a quatro camadas denominados células buliformes. O sistema vascular é formado, exclusivamente, de xilema e floema primários e periciclo. O periciclo, em geral, apresenta-se como fibras. O feixe vascular é rodeado por uma grossa camada de fibras extraxilemáticas. Os feixes colaterais primários encontravam-se travados em pelo menos uma das faces, constatação observada em todas as espécies deste estudo. O número de feixes colaterais entre os feixes secundários variou inclusive dentro da mesma espécie. As nervuras possuem floema indiviso voltado à face abaxial e xilema à adaxial. Para todas as espécies, a hipoderme em geral apresentou-se bem desenvolvida e mais espessa que a epiderme, tanto na face adaxial quanto na abaxial. *A. eichleri* e *A. funifera* apresentaram feixes de fibras situados somente na hipoderme adaxial, enquanto que em *A. speciosa*, *A. barreirensis*, *A. phalerata*, *A. maripa* e *A. vitrivir* os feixes foram encontrados tanto na hipoderme adaxial quanto na hipoderme abaxial. Em todas as sete espécies as fibras estavam situadas internamente à hipoderme. As espécies *A. barreirensis*, *A. funifera* e *A. vitrivir* apresentaram formato trapezoide com extremidade arredondadas. As espécies *A. speciosa* e *A. eichleri* apresentaram formato trapezoide com extremidade agudas. Já as espécies *A. phalerata* e *A. maripa* apresentaram formato triangular. A margem foliar variou muito entre as espécies. O formato dos segmentos foliares onde se encontram as nervuras centrais pode ser considerado uma das características mais distintivas entre as espécies estudadas. A anatomia foliar das sete espécies estudadas do gênero *Attalea* foi muito informativa. Os dados gerados podem auxiliar na identificação das espécies, assim como na classificação taxonômica das mesmas.

**Palavras-chave:** *Attalea*, Babaçu, Anatomia foliar

## ABSTRACT

The anatomical study in this paper was designed to obtain information to assist in the taxonomic classification of *Attalea* species, which may directly contribute to conservation and breeding programs. Leaves from seven species of babassu were analyzed: *A. speciosa*, *A. barreirensis*, *A. eichleri*, *A. funifera*, *A. maripa*, *A. phalerata* and *A. vitrivir*. The species presented a uniseriate epidermis. Both the adaxial and abaxial epidermal cells are rectangular or trapezoidal and *A. speciosa* presented dimples on the walls of the epidermal cells. Both leaf surfaces of all the species are covered by a cuticle, where the adaxial cuticle is thicker than the abaxial. Glandular trichomes scars are found on both the adaxial epidermis and the abaxial epidermis of all species. The stomatal complex is composed of four cells in all *Attalea* species studied and are classified as hypostomatic, except for *A. barreirensis*, which is amphistomatic. The stomata are arranged in longitudinal rows, parallel or perpendicular to the ribs. Polar subsidiary cells of *A. speciosa*, *A. barreirensis*, *A. eichleri*, *A. phalerata* and *A. vitrivir* are reniform, but in *A. funifera* and *A. maripa*, they are trapezoidal. All species presented dorsiventral mesophyll, with one to three palisade layers and about four to eight layers of spongy parenchyma. The spongy tissue cells are isodiametrical, with some sporadically occurring rectangular cells. Siliceous bodies were observed in the mesophyll of *A. maripa*. The center rib has a multi-stratified tissue expansion, with three to four layers of bulliform cells. The vascular system is made up exclusively of primary xylem and phloem and pericycle, the latter generally presenting as fibers. The vascular bundle is surrounded by a thick layer of extraxylematic fibers. The first secondary vascular bundles found themselves locked in at least one of the faces, finding seen in all species in this study. The number of side beams between the primary beams varied even within the same species. The ribs have an undivided phloem facing the abaxial side with the xylem facing towards the adaxial surface. For all species, the hypodermis in general is well developed and thicker than the epidermis, both adaxially and abaxially. *A. funifera* and *A. eichleri* possess fiber bundles located only on the adaxial hypodermis, while in *A. speciosa*, *A. barreirensis*, *A. phalerata*, *A. vitrivir* and *A. maripa*, fiber bundles were found in both the adaxial, and abaxial hypodermis. In all seven species, the fibers are located inside the hypodermis. The hypodermal cells of *A. barreirensis*, *A. funifera* and *A. vitrivir* are trapezoidal with a rounded edge, whereas in *A. speciosa* and *A. eichleri*, they are trapezoidal shape with a sharp edge. In *A. phalerata* and *A. maripa* the hypodermal cells are triangular shape. The leaf margins varied widely between species. The shape of the leaf segments where they meet the central ribs can be considered one of the most distinctive characteristics of the species studied. The leaf anatomy of the seven *Attalea* species studied was highly informative. The data generated can assist greatly in identifying these species and provide useful taxonomic characters. However, more leaf anatomical studies are required, associated with genetic and morphological studies to estimate, with greater reliability, the relationships between the species of this genus.

**Key words** : *Attalea*, babassu, leaf anatomy

## INTRODUÇÃO

A família Arecaceae possui cerca de 2.522 espécies, distribuídas entre 240 gêneros, sendo 37 gêneros encontrados no Brasil (DRANSFIELD *et al.* 2008). Entre estes gêneros, encontra-se o gênero *Attalea*, composto por cerca de 29 espécies, ainda não totalmente delimitado. Apresenta distribuição que se estende do México à Bolívia, Paraguai, Brasil e Caribe (PINTAUD, 2008). Está presente em muitos tipos de ecossistemas neotropicais, desde dunas de areias até bosques sub-andinos (PINTAUD, 2008; BAKER & DRANSFIELD, 2016).

No Brasil, é encontrado nas regiões Norte, Nordeste, Sudeste e Centro-Oeste, abrangendo desde o Sul da Bacia Amazônica até a vegetação típica dos cerrados. Os estados do Maranhão, Piauí e Tocantins concentram as maiores extensões de matas onde predominam os babaçuais (LORENZI *et al.*, 1996; COELHO *et al.*, 2002; ARAÚJO, 2008; MATOS *et al.*, 2010). A delimitação taxonômica do complexo babaçu é discutida por diversos autores. O desenvolvimento de híbridos naturais, o baixo número de coletas e a escassa quantidade de estudos que engloba todos os membros do complexo babaçu dificultam a distinção dessas espécies (ANDERSON & BALICK, 1988; PINTAUD, 2008).

A importância econômica do babaçu, um dos principais produtos extrativistas do Brasil, é demonstrada pelos dados do IBGE, registrando cerca de 100 mil toneladas de amêndoas são comercializadas no Brasil anualmente (LIMA *et al.*, 2006; IBGE, 2013; DE MESQUITA, 2015). As amêndoas de babaçu fornecem óleo tanto para uso doméstico, como para a utilização industrial em produtos de higiene e perfumaria (LORENZI *et al.*, 1996; LORENZI, 2000; CARAZZA *et al.*, 2001; BRANDÃO *et al.*, 2002). O babaçu também é utilizado na fabricação de artesanatos, na construção civil e no paisagismo, podendo fornecer até 64 produtos diferentes (LORENZI, 2000; SANTOS *et al.*, 2008).

Anatomia foliar tem revelado ser de grande importância taxonômica, especialmente na delimitação de gêneros de Arecaceae (ELLIS *et al.*, 1987; DE OLIVEIRA *et al.*, 2008; MOURA *et al.*, 2015; PINEDO *et al.*, 2016). Estudos anatômicos são significativos para a classificação de palmeiras, visto que estas fornecem características novas características que permitem avaliar as suas inter-relações e mudanças evolutivas (MARTENS & UHL, 1980; UHL & DRANSFIELD, 1987; HORN *et al.*, 2009)

O presente trabalho analisou caracteres anatômicos foliares de sete espécies de babaçu: *A. speciosa*, *A. barreirensis*, *A. eichleri*, *A. funifera*, *A. maripa*, *A. phalerata* e *A. vitrivir*, com o objetivo de verificar o seu valor taxonômico e estimar a distância genética entre as espécies estudadas.

## MATERIAL E MÉTODOS

As amostras foliares de *A. barreirensis*, *A. eichleri*, *A. funifera*, *A. maripa*, *A. phalerata* e *A. speciosa*, foram fornecidas pela Embrapa Cocais, São Luís – MA. Folhas de *A. vitrivir* foram fornecidas pela Universidade UniMontes, coletadas na região de Montes Claros, MG.

O estudo foi desenvolvido no Laboratório de Anatomia Vegetal da Universidade de Brasília. Foram analisados quatro indivíduos de cada espécie amostrada em campo. Os espécimens examinados estão listados na Tabela 4. O estudo da anatomia foliar foi desenvolvido no Laboratório de Anatomia Vegetal da UnB (Universidade de Brasília). Foram analisados quatro indivíduos de cada espécie amostrada em campo.

**Tabela 11.** Tabela de amostras utilizadas nas análises de anatomia foliar.

Espécies	Amostras	Localidade
<b><i>A. speciosa</i></b>	<i>A. speciosa</i> – S3 <i>A. speciosa</i> – S4 <i>A. speciosa</i> – S6 <i>A. speciosa</i> – S7	Nazaré, TO. Amostras fornecidas pela Embrapa Cocais, São Luís – MA.
<b><i>A. barreirensis</i></b>	<i>A. barreirensis</i> – B13 <i>A. barreirensis</i> – B15 <i>A. barreirensis</i> – B16 <i>A. barreirensis</i> – B17	São Raimundo das Mangabeiras, MA. Amostras fornecidas pela Embrapa Cocais, São Luís – MA.
<b><i>A. eichleri</i></b>	<i>A. eichleri</i> – E14 <i>A. eichleri</i> – E16 <i>A. eichleri</i> – E17 <i>A. eichleri</i> – E19	Carolina, MA. Amostras fornecidas pela Embrapa Cocais, São Luís – MA.
<b><i>A. funifera</i></b>	<i>A. funifera</i> – F2 <i>A. funifera</i> – F3 <i>A. funifera</i> – F4 <i>A. funifera</i> – F6	Coleção particular do Carlos Alex, BA. Amostras fornecidas pela Embrapa Cocais, São Luís – MA.
<b><i>A. maripa</i></b>	<i>A. maripa</i> – 1 <i>A. maripa</i> – 4 <i>A. maripa</i> – 5 <i>A. maripa</i> – 6	Coleção particular do Carlos Alex, BA. Amostras fornecidas pela Embrapa Cocais, São Luís – MA.
<b><i>A. phalerata</i></b>	<i>A. phalerata</i> – 2 <i>A. phalerata</i> – 3 <i>A. phalerata</i> – 4 <i>A. phalerata</i> – 7	Carolina, MA. Amostras fornecidas pela Embrapa Cocais, São Luís – MA.
<b><i>A. vitrivir</i></b>	<i>A. vitrivir</i> –1M1 <i>A. vitrivir</i> –2M1 <i>A. vitrivir</i> –3M3 <i>A. vitrivir</i> –2BM	Bonito de Minas e Montalvânia – MG – Fornecido pela Universidade Estadual de Montes Claros.

Inicialmente, todas as amostras foram incubadas em estufa a 37 °C, numa solução de KOH 5% por cinco dias para amolecer as folhas e tornar os cortes possíveis.

Utilizou-se secções do terço apical das pinas. Os cortes transversais foram feitos à mão livre e clarificados com hipoclorito de sódio (NaClO) 100% [13% de cloro ativo] por aproximadamente 20 minutos. Em seguida, foram realizadas três lavagens com água destilada por 2-3 minutos. Os cortes foram corados com azul de alcian/safranina (4:1) por 20 segundos, e novamente lavados com água destilada para retirar o excesso de corante. Posteriormente, foram desidratados com a seguinte série alcoólica: álcool 50% por um minuto, álcool comercial por um minuto, seguido de álcool comercial por três minutos e por fim, álcool absoluto por cinco minutos. Finalmente, os cortes passaram pela segunda bateria que consistiu em lavagens de poucos segundos com as seguintes soluções: álcool 100%/acetato de butila (3:1), depois álcool 100%/ acetato de butila (1:1), seguido de álcool 100%/acetato de butila (1:3), e por fim acetato puro. As lâminas permanentes foram montadas com verniz vitral.

As faces abaxial e adaxial das folhas foram tratadas para a obtenção de cortes paradérmicos. As amostras foliares com cerca de 1 cm<sup>2</sup> foram colocadas em vidros fechados contendo solução de Franklin 30% (JOHANSEN, 1940). Os vidros contendo as amostras foram incubados em estufa a 60 °C por sete dias até a completa dissociação da epiderme. Após o descarte da solução de Franklin, as amostras foram lavadas em água destilada por cinco vezes para retirar o excesso da solução. O isolamento dos cortes paradérmicos foi feito com o auxílio de pincéis. As amostras foram coradas com safranina por um minuto e posteriormente lavadas três vezes para a retirada do excesso de corante. Em seguida, foram colocadas na lâmina, sendo cobertas com gelatina e lamínula, selada com esmalte incolor.

O registro das imagens foi realizado em fotomicroscópio associado ao microcomputador com sistema de captura de imagens LAS EZ. As lâminas foram fotografadas em microscópio óptico Motic BA300 com câmera digital acoplada. Foram avaliadas as seguintes características: espessura do limbo, espessura das epidermes adaxial e abaxial, espessura das hipodermes adaxial e abaxial das folhas. As espessuras médias foram calculadas pela avaliação de cinco medições.

Os dados morfológicos das pinas observados nas sete espécies foram organizados em uma tabela (Anexo I- páginas 90-92) na qual para cada característica morfológica foi determinado um valor numérico: 1 para presença ou 0 para ausência. Os dados obtidos foram analisados utilizando-se o programa NTSYS-pc (Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System), versão 2.02.. A similaridade entre as amostras foi estimada pelo coeficiente de Jaccard. A confiabilidade dos nós foi calculada pelo programa BOOD (COELHO, 2000). A matriz de similaridade foi então gerada, e

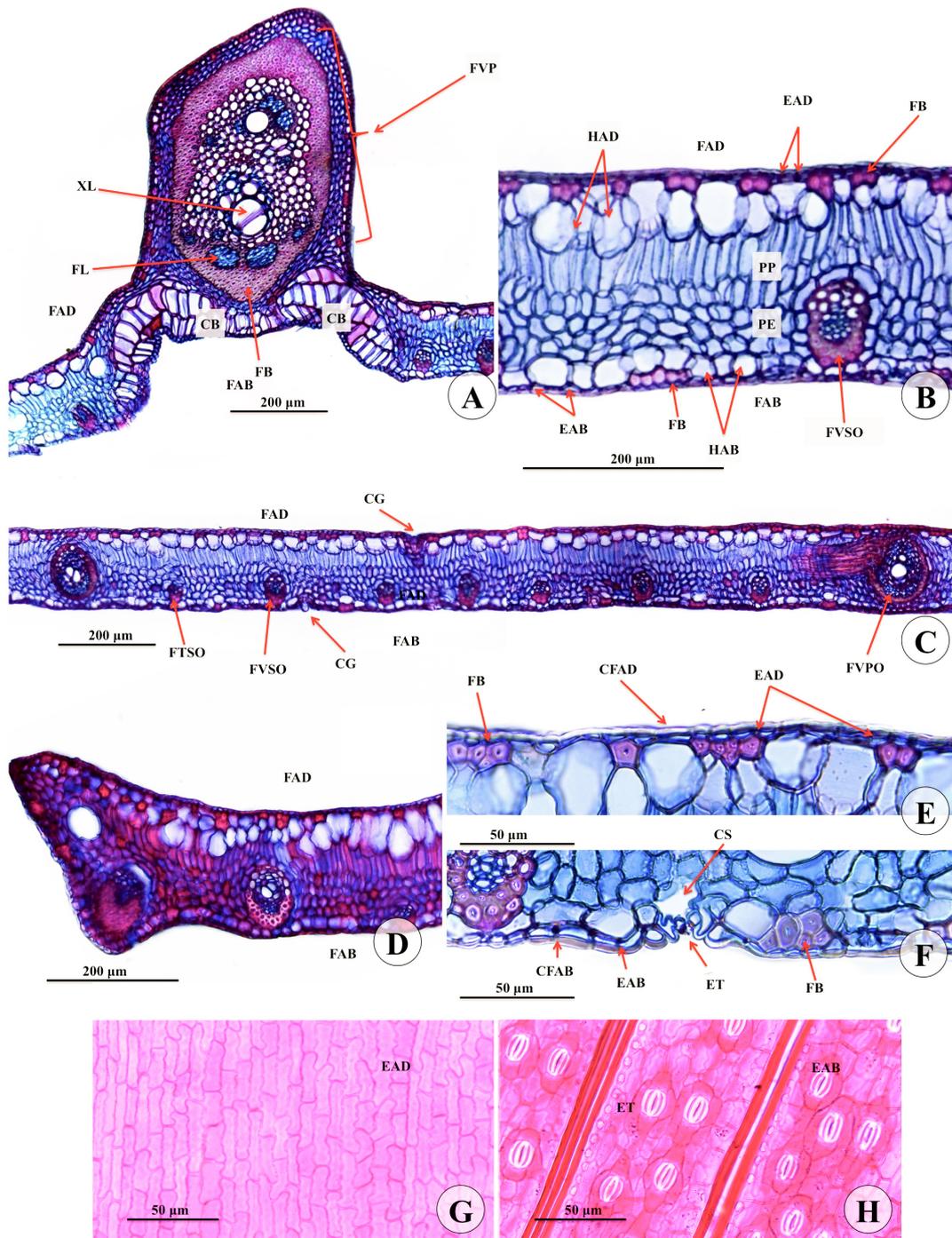
também o dendograma pelo método UPGMA (Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Average) .

## RESULTADOS

### Descrição anatômica

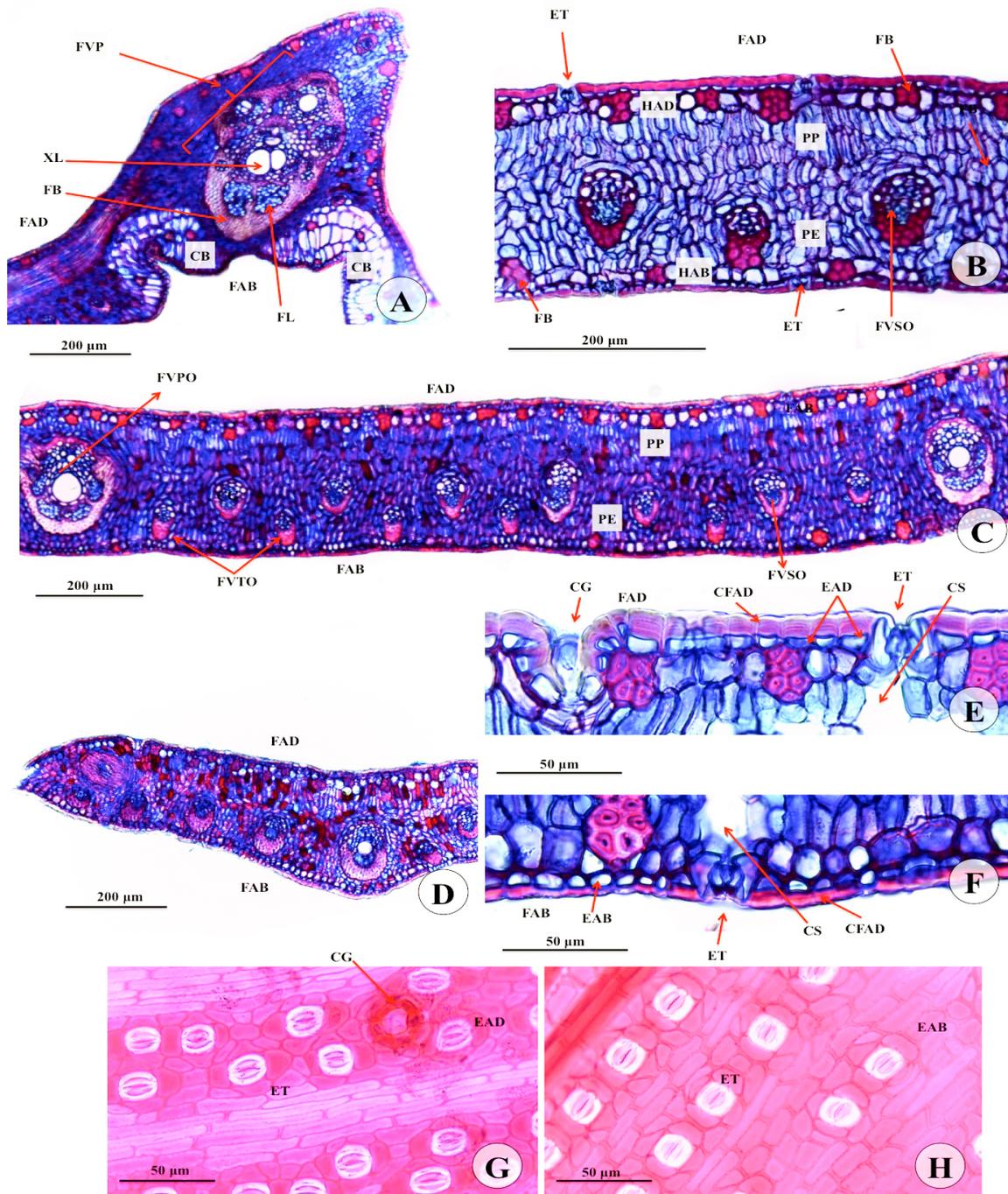
#### *Attalea speciosa*

**Feixe vascular principal** colateral, ovoide, livre, tanto adaxial quanto abaxialmente, envolto em feixe de fibras extraxilemáticas, **região da nervura principal** com formato trapezoide, com ângulos arredondados; **protoxilema** voltado para a face adaxial; **floema** permeando o xilema abaxialmente e adaxialmente (Fig. 9-A); **células buliformes** retangulares, em grupos 3-4 vezes mais largo que alto, 3 camadas celulares (Fig. 9-A); **grupos de fibras** permeando as células buliformes (Fig. 9-A); **mesofilo** dorsiventral (141  $\mu\text{m}$  de espessura) (Fig. 9-B); **parênquima paliçádico** com uma camadas de células, mais de 5 vezes mais altas do que largas (Fig. 9-B); **parênquima lacunoso** com células isodiamétricas (3-4 camadas celulares) (Fig. 9-B); **hipoderme adaxial** espessa (57,8  $\mu\text{m}$  de espessura), células isodiamétricas ou ovoides (Fig. 9-B); **hipoderme abaxial** espessa (21  $\mu\text{m}$  de espessura); **grupos de fibras** localizadas entre a epiderme e a hipoderme adaxial, e entre a epiderme e a hipoderme abaxial (Fig. 9-B); **lâmina foliar** plana adaxialmente e abaxialmente (Fig. 9-C); **feixes vasculares de primeira ordem** travados tanto adaxialmente quanto abaxialmente (Fig. 9-C); **feixes vasculares de segunda ordem** travados abaxialmente (Fig. 9-C); **feixes vasculares de terceira ordem** travados abaxialmente (Fig. 9-C); **cicatriz de tricomas glandulares** presentes em ambas as faces (Fig. 9-C); **margem foliar** com ângulo agudo ou obtuso, permeada por feixes vasculares e ondulações na face abaxial (Fig. 9-D); **epiderme uniestratificada** (Figs. 9-E e 9-F); **cutícula adaxial** delgada 3,2  $\mu\text{m}$  (Fig. 9-E); **células comuns da epiderme da face adaxial** retangulares ou trapezóides (33,5  $\mu\text{m}$  - 64,5  $\mu\text{m}$  de comprimento por 10,5  $\mu\text{m}$  de largura) (Fig. 9-E) e paredes das células epidérmicas com ondulações (Fig. 9-G); **cutícula abaxial** delgada (1  $\mu\text{m}$ ) (Fig. 9-F); **células comuns da epiderme da face abaxial** retangulares ou trapezoides (27  $\mu\text{m}$  - 63,5  $\mu\text{m}$  de comprimento por 11,67  $\mu\text{m}$  de largura) (Fig. 9-H); **complexo estomático tetracítico**, estômatos dispostos regularmente em fileiras (Fig. 9-H); **câmaras subestomáticas** presentes (Fig. 9-F); **células-guarda** 2-3 vezes mais compridas que largas (22,7  $\mu\text{m}$  de comprimento e 7  $\mu\text{m}$  de largura) com formato reniforme (Fig. 9-H); **células subsidiárias laterais** com formato reniformes (Fig. 9-H); **células subsidiárias polares** com formato reniformes (Fig. 9-H).



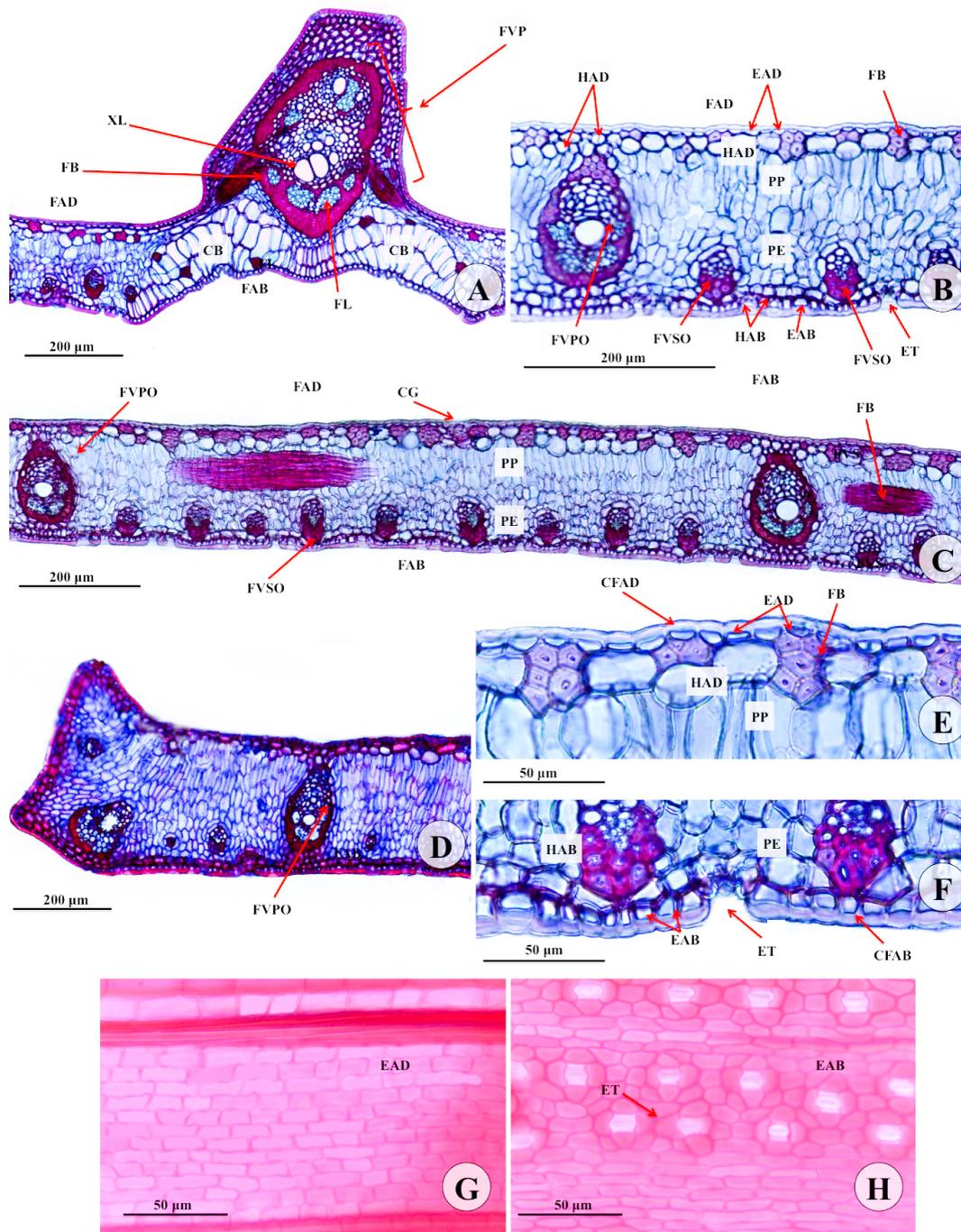
**Figura 9.** Anatomia foliar de *Attalea speciosa* (Mart. ex Spreng.). **A-F:** Secções transversais; **G-H:** Cortes paradérmicos. **A. Segmento foliar com a nervura principal** com formato trapezoide e ângulos arredondados: FVP- Feixe vascular principal, XL – Xilema, FL-Floema, FB – Fibras, CB – células buliformes, FAD - Face adaxial, FAB – Face abaxial. **B. Ampliação da lâmina foliar:** FAD - Face adaxial, FAB – Face abaxial, HAD - Hipoderme da face adaxial, HAB - Hipoderme da face abaxial, FB – Fibras, EAD – Epiderme da face adaxial, EAB – Epiderme da face abaxial, PP- Parênquima Paliçádico, PE-Esponjoso, FVSO -Feixe vascular de segunda ordem. **C. Padrão dos feixes vasculares na lâmina foliar:** FAD - Face adaxial, FAB – Face abaxial, FVPO-Feixe vascular de primeira ordem, FVSO-Feixe vascular de segunda ordem, CG-Cicatriz glandular. **D. Margem foliar** com ângulos obtusos. **E. Ampliação da face adaxial:** CFAD - Cutícula da face adaxial, EAD- epiderme da face adaxial, FB – Fibras **F. Ampliação da face abaxial:** CFAB - Cutícula da face abaxial, EAB- epiderme da face abaxial, CS- Câmara subestomática, ET: Estômato **G. Epiderme da face adaxial**, paredes com ondulações. **H. Epiderme da face abaxial** com disposição dos estômatos, ET: Estômato. Escalas: **A- D:** 200 µm. **E-H:** 50 µm.

**Feixe vascular principal** colateral, ovoide, livre, tanto adaxial quanto abaxialmente, envolto em de feixe de fibras extraxilemáticas, **região da nervura principal** com formato trapezoide, com ângulo agudo (Fig. 10-A); **protoxilema** voltado para a face adaxial; **floema** permeando o xilema abaxialmente e adaxialmente (Fig. 10-A); **células buliformes** retangulares, em grupos 3-4 vezes mais largo que alto, 3 camadas celulares (Fig. 10-A); **grupos de fibras** permeando as células buliformes (Fig. 10-A); **mesofilo** dorsiventral (280 µm de espessura), 6-9 camadas de células (Fig. 10-B); **parênquima paliádico** com 2-3 camadas de células, mais de 5 vezes mais altas do que largas (Fig. 10-B); **parênquima lacunoso** com células isodiamétricas (Fig. 10-B); **hipoderme adaxial** espessa (48,2 µm) com células isodiamétricas ou ovoides (Fig. 10-B); **hipoderme abaxial** espessa (30,5 µm) com células isodiamétricas ou ovoides (Fig. 10-B); **grupos de fibras** localizadas entre a epiderme e a hipoderme adaxial, e entre a epiderme e a hipoderme abaxial (Fig. 10-B); **lâmina foliar** com ondulações adaxialmente e abaxialmente (Fig. 10-C); **feixes vasculares de primeira ordem** livres adaxialmente e travados abaxialmente (Fig. 10-C); **feixes vasculares de segunda ordem** livres (Fig. 10-C); **feixes vasculares de terceira ordem** travados abaxialmente (Fig. 10-C); **cicatriz de tricomas glandulares** presentes em ambas as faces (Fig. 10-C); **margem foliar** com ângulo agudo ou obtuso, permeada por feixes vasculares e ondulações na face abaxial (Fig. 10-D); **epiderme uniestratificada** (Figs. 10-E e 10-F); **cutícula** espessa adaxialmente (10,7µm) (Fig. 10-E); **células comuns da epiderme da face adaxial** retangulares (56,7 µm-85 µm de comprimento por 10,8 µm de largura) (Fig. 10-G); **cutícula** espessa abaxialmente (6,8 µm) (Fig. 10-F); **células comuns da epiderme da face abaxial** retangulares, com paredes lisas (30,2 µm-63 µm de comprimento por 11,2 µm de largura) (Fig. 10-H); **câmaras subestomáticas** presentes (Figs. 10-E e 10-F); **complexo estomático tetracítico**, estômatos dispostos regularmente em fileiras (Figs. 10-G e 10-H); **células-guarda** mais compridas que largas (20,4 µm de comprimento e 6,8 µm de largura) com formato reniforme (Figs. 10-G e 10-H); **células subsidiárias laterais** com formato reniformes (Figs. 10-G e 10-H); **células subsidiárias polares** com formato reniformes (Figs. 10-G e 10-H); **pinas anfiestomáticas** (Figs. 10-G e 10-H).



**Figura 10.** Anatomia foliar de *Attalea barreirensis* (Glassman.). **A-F:** Secções transversais; **G-H:** Cortes paradérmicos. **A. Segmento foliar com a nervura principal** com formato trapezoide e ângulo agudo: FVP- Feixe vascular principal, XL – Xilema, FL-Floema, FB – Fibras, CB – células buliformes, FAD - Face adaxial, FAB – Face abaxial. **B. Ampliação da lâmina foliar:** FAD - Face adaxial, FAB – Face abaxial, HAD - Hipoderme da face adaxial, HAB - Hipoderme da face abaxial, FB – Fibras, EAD – Epiderme da face adaxial, EAB – Epiderme da face abaxial, PP- Parênquima Paliçádico, PE-Esponjoso, FVSO -Feixe vascular de segunda ordem. **C. Padrão dos feixes vasculares na lâmina foliar:** FAD - Face adaxial, FAB – Face abaxial, FVPO-Feixe vascular de primeira ordem, FVSO - Feixe vascular de segunda ordem. **D. Margem foliar** com ângulo obtuso. **E. Ampliação da face adaxial:** CFAD - Cutícula da face adaxial, EAD- epiderme da face adaxial, FB – Fibras, CG- Cicatriz glandular. **F. Ampliação da face abaxial:** CFAB - Cutícula da face abaxial, EAB- epiderme da face adaxial, ET: Estômatos, CS- Câmara subestomática **G. Epiderme da face adaxial**, estômatos dispostos em fileiras. ET: Estômatos. **H. Epiderme da face abaxial** com disposição dos estômatos em fileiras. ET: Estômatos. Escalas: **A- D:** 200  $\mu$ m. **E-H:** 50  $\mu$ m.

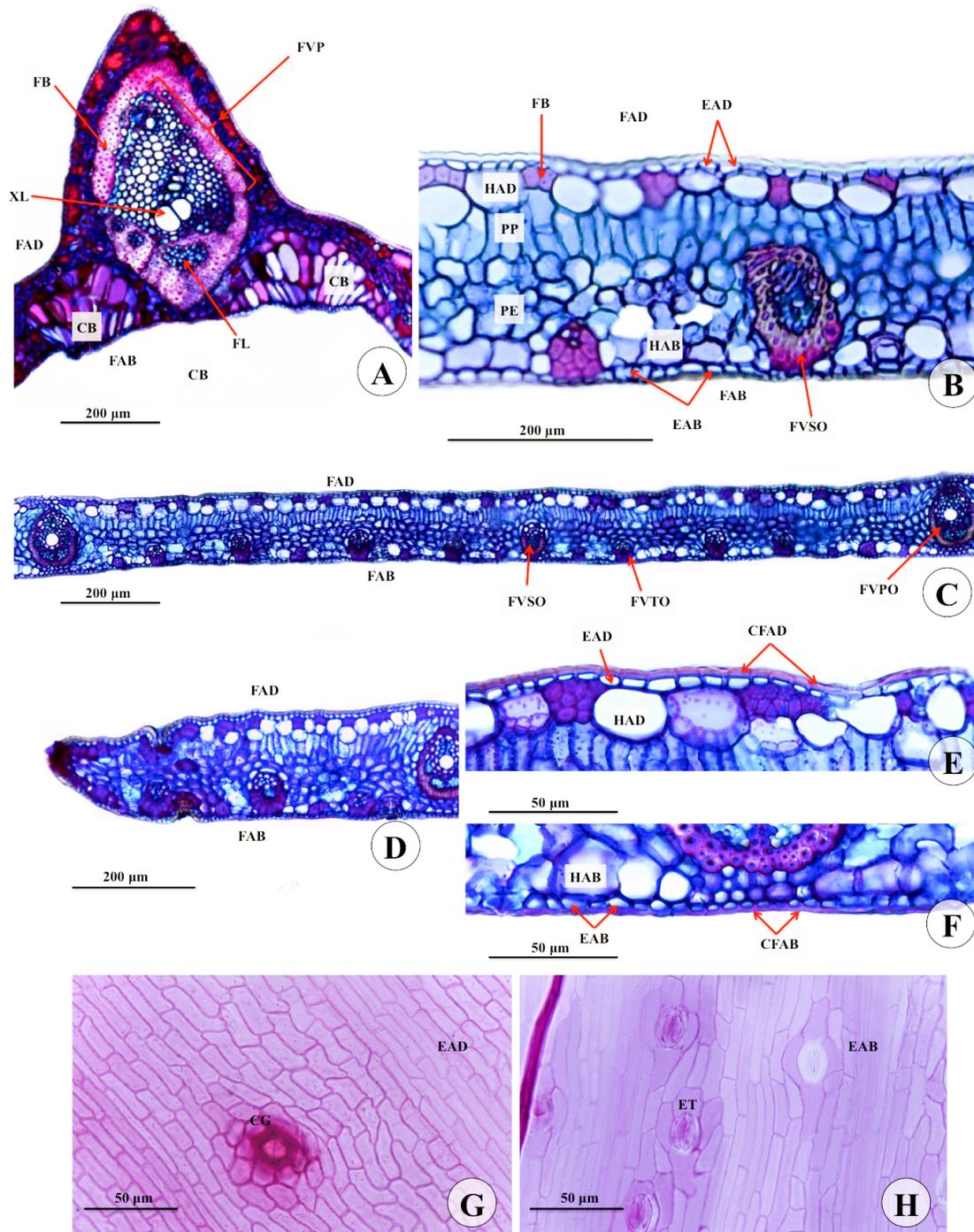
**Feixe vascular principal** colateral, ovoide, livre, tanto adaxial quanto abaxialmente, envolto em de feixe de fibras extraxilemáticas (Fig.11-A); **região da nervura principal** com formato trapezoide de ângulos agudos, **protoxilema** voltado para a face adaxial; **floema** permeando o xilema abaxialmente e adaxialmente (Fig.11-A); **células buliformes** retangulares, em grupos 2-3 vezes mais largo que alto, 3 camadas celulares (Fig.11-B); **grupos de fibras** permeando as células buliformes (Fig. 11-A); **mesofilo** dorsiventral (170,75 µm), 5-7 camadas de células (Fig. 11-B); **parênquima paliçádico** com 2-3 camadas de células, mais de 4 vezes mais altas do que largas (Fig. 11-B); **parênquima lacunoso** com células isodiamétricas (Fig. 11-B); **hipoderme adaxial** espessa (28,25 µm de espessura), células isodiamétricas ou ovoides (Fig. 11-B); **grupos de fibras** localizadas entre a epiderme e a hipoderme adaxial (Fig. 11-B); **hipoderme abaxial** delgada (10,92 µm de espessura), células isodiamétricas ou ovoides (Fig. 11-B); **lâmina foliar** plana abaxialmente e com ondulações abaxialmente (Fig. 11-C); **feixes vasculares de primeira ordem** travados adaxialmente e livres abaxialmente (Fig. 11-C); **feixes vasculares de segunda ordem** travados abaxialmente (Fig. 11-C); **cicatriz de tricomas glandulares** presentes em ambas as faces (Fig. 11-C); **margem foliar** com ângulo agudo ou obtuso, permeada por feixes vasculares travados abaxialmente (Fig. 11-D); **epiderme uniestratificada** (Figs. 11-E e 11-F); **cutícula** espessa adaxialmente (7,67 µm) (Fig. 11-E); **células comuns da epiderme da face adaxial** retangulares com paredes lisas (29,5 µm-30,7 µm de comprimento por 11,92 µm de largura) (Fig. 11-G); **cutícula** espessa abaxialmente (9,05µm) (Fig. 11-F); **células comuns da epiderme da face abaxial** retangulares (25,5 µm-40,75 µm de comprimento por 10,6 µm de largura) (Fig. 11-H); **câmaras subestomáticas** ausentes (Fig. 11-F); **complexo estomático tetracítico**, estômatos dispostos regularmente em fileiras (Fig. 11-H); **células-guarda** mais compridas que largas (21,7 µm de comprimento e 5,75 µm de largura) com formato reniforme (Fig. 11-H); **células subsidiárias polares** com formato reniformes (Fig. 11-H); **células subsidiárias laterais** com formato reniformes (Fig. 11-H); **pinas** hipoestomáticas (Figs. 11-G e 11-H).



**Figura 11.** Anatomia foliar de *Attalea eichleri* (Drude A. J. Hend.). **A-F:** Secções transversais; **G-H:** Cortes paradérmicos. **A. Segmento foliar com a nervura principal** com formato trapezoide e ângulo agudo: FVP- Feixe vascular principal, XL – Xilema, FL-Floema, FB – Fibras, CB – células buliformes, FAD - Face adaxial, FAB – Face abaxial. **B. Ampliação da lâmina foliar:** FAD - Face adaxial, FAB – Face abaxial, HAD - Hipoderme da face adaxial, HAB - Hipoderme da face abaxial, FB – Fibras, EAD – Epiderme da face adaxial, EAB – Epiderme da face abaxial, PP- Parênquima Paliádico, PE-Esponjoso, FVPO- Feixe vascular de primeira ordem, FVSO - Feixe vascular de segunda ordem. **C. Padrão dos feixes vasculares na lâmina foliar:** FAD - Face adaxial, FAB – Face abaxial, FVPO-Feixe vascular de primeira ordem, FVSO - Feixe vascular de segunda ordem. **D. Margem foliar** com ângulo obtuso. **E. Ampliação da face adaxial:** CFAD - Cutícula da face adaxial, EAD- epiderme da face adaxial, FB – Fibras. **F. Ampliação da face abaxial:** CFAB - Cutícula da face abaxial, EAB- epiderme da face adaxial, ET: Estômatos. **G. Epiderme da face adaxial.** **H. Epiderme da face abaxial** com disposição dos estômatos em fileiras. ET: Estômatos. Escalas: **A- D:** 200 µm. **E-H:** 50 µm.

*Attalea funifera*

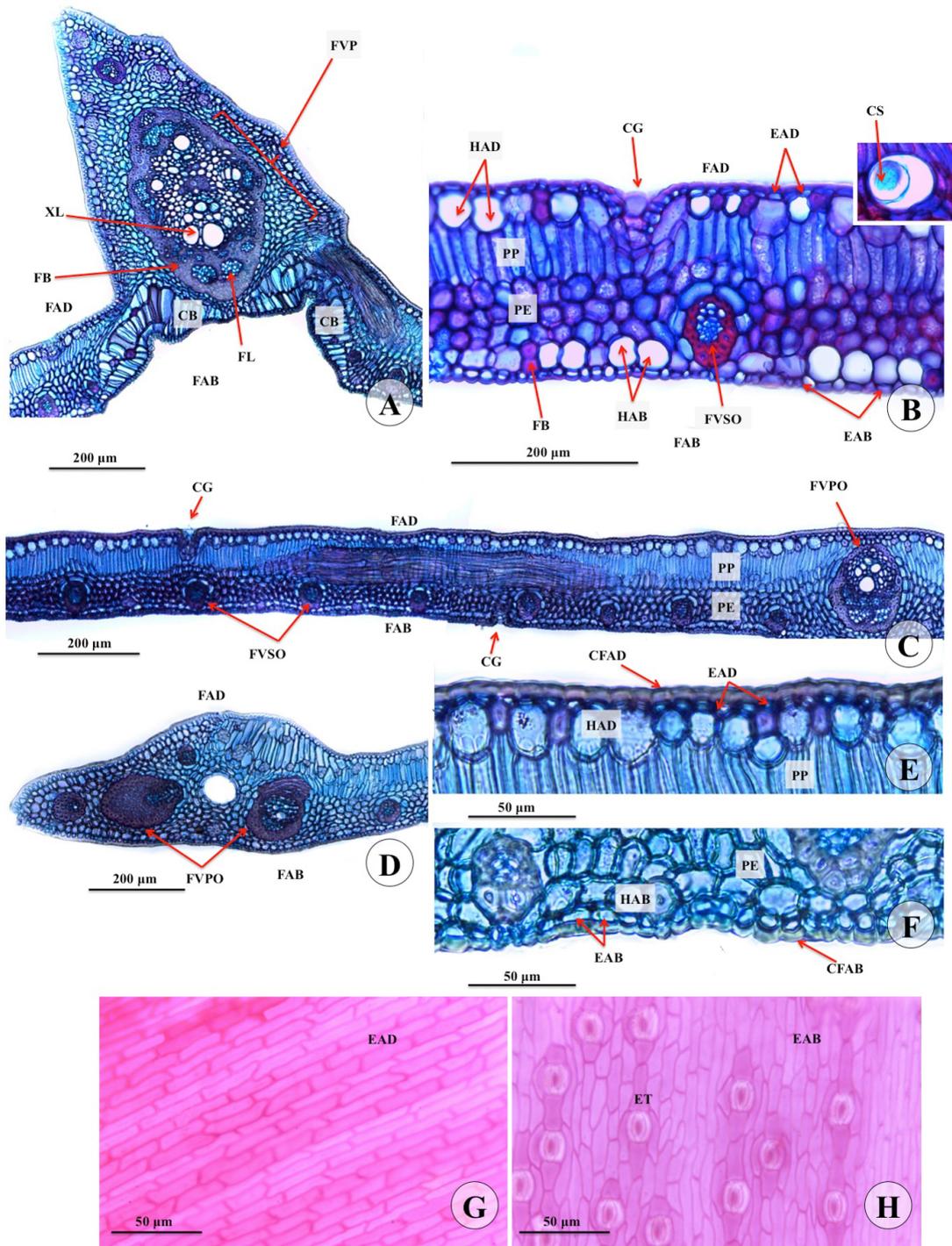
**Feixe vascular principal** colateral, ovoide, livre, tanto adaxial quanto abaxialmente, envolto em de feixe de fibras extraxilemáticas (Fig. 12-A); **região da nervura principal** com formato triangular de ângulos agudos, **protoxilema** voltado para a face adaxial; **floema** permeando o xilema abaxialmente e adaxialmente (Fig. 12-A); **células buliformes** retangulares, em grupos 2-3 vezes mais largo que alto, 3 camadas celulares (Fig. 12-B); **grupos de fibras** permeando as células buliformes (Fig. 12-A); **mesofilo** dorsiventral (136 µm), 5-7 camadas de células (Fig. 12-B); **parênquima paliçádico** com uma camadas de células, mais de 3 vezes mais altas do que largas (Fig. 12-B); **parênquima lacunoso** com células isodiamétricas (Fig. 12-B); **hipoderme adaxial** espessa (37,8 µm de espessura), células isodiamétricas ou ovóides (Fig. 12-B); **hipoderme abaxial** espessa (32 µm de espessura), células isodiamétricas ou ovóides (Fig. 12-B); **grupos de fibras** localizadas entre a epiderme e a hipoderme adaxial (Fig. 12-B); **lâmina foliar** com ondulações adaxialmente e plana abaxialmente (Fig. 12-B); **feixes vasculares de primeira ordem** travados adaxialmente e abaxialmente (Fig. 12-C); **feixes vasculares de segunda ordem** travados abaxialmente (Fig. 12-C); **cicatriz de tricomas glandulares** presentes em ambas as faces (Fig. 12-C); **margem foliar** com ângulo agudo ou obtuso, permeada por feixes vasculares travados abaxialmente (Fig. 12-D); **epiderme uniestratificada** (Figs. 12-E e 12-F); **cutícula** delgada adaxialmente (8,77 µm) (Fig. 12-E); **células comuns da epiderme da face adaxial** com formato retangular ou trapezoide (30,75 µm – 48,0 µm de comprimento por 11,65 µm de largura) (Fig. 12-H); **cutícula** delgada abaxialmente (4,56 µm) (Fig. 12-F); **células comuns da epiderme da face abaxial** retangulares ou trapezoides (39,5 µm - 62,75 µm por 9,92 µm) (Fig. 12-F); **câmaras subestomáticas** ausentes (Fig. 12-F); **complexo estomático tetracítico**, estômatos dispostos regularmente em fileiras (Fig. 12-H); **células-guarda** mais compridas que largas (22,2 µm de comprimento e 8,55 µm de largura) com formato reniforme (Fig. 12-G); **células subsidiárias polares** com formato trapezoide (Fig. 12-H); **células subsidiárias laterais** com formato reniforme (Fig. 12-H); **pinas** hipoestomáticas (Figs. 12-G e 12-H).



**Figura 12.** Anatomia foliar de *Attalea funifera* (Mart.). **A-F:** Secções transversais; **G-H:** Cortes paradérmicos. **A. Segmento foliar com a nervura principal** com formato triangular e ângulo agudo: FVP- Feixe vascular principal, XL – Xilema, FL-Floema, FB – Fibras, CB – células buliformes, FAD - Face adaxial, FAB – Face abaxial. **B. Ampliação da lâmina foliar:** FAD - Face adaxial, FAB – Face abaxial, HAD - Hipoderme da face adaxial, HAB - Hipoderme da face abaxial, FB – Fibras, EAD – Epiderme da face adaxial, EAB – Epiderme da face abaxial, PP-Parênquima Paliçádico, PE-Esponjoso, FVSO -Feixe vascular de segunda ordem. **C. Padrão dos feixes vasculares na lâmina foliar:** FAD - Face adaxial, FAB – Face abaxial, FVPO-Feixe vascular de primeira ordem, FVSO - Feixe vascular de segunda ordem, FVTO - Feixe vascular de terceira ordem **D. Margem foliar** com ângulo obtuso. **E. Ampliação da face adaxial:** CFAD - Cutícula da face adaxial, EAD- epiderme da face adaxial. **F. Ampliação da face abaxial:** CFAB - Cutícula da face abaxial, EAB- epiderme da face adaxial. **G. Epiderme da face adaxial,** CG- Catriz glandular. **H. Epiderme da face abaxial** com disposição dos estômatos em fileiras. ET: Estômatos. Escalas: **A- D:** 200 µm. **E-H:** 50 µm.

*Attalea maripa*

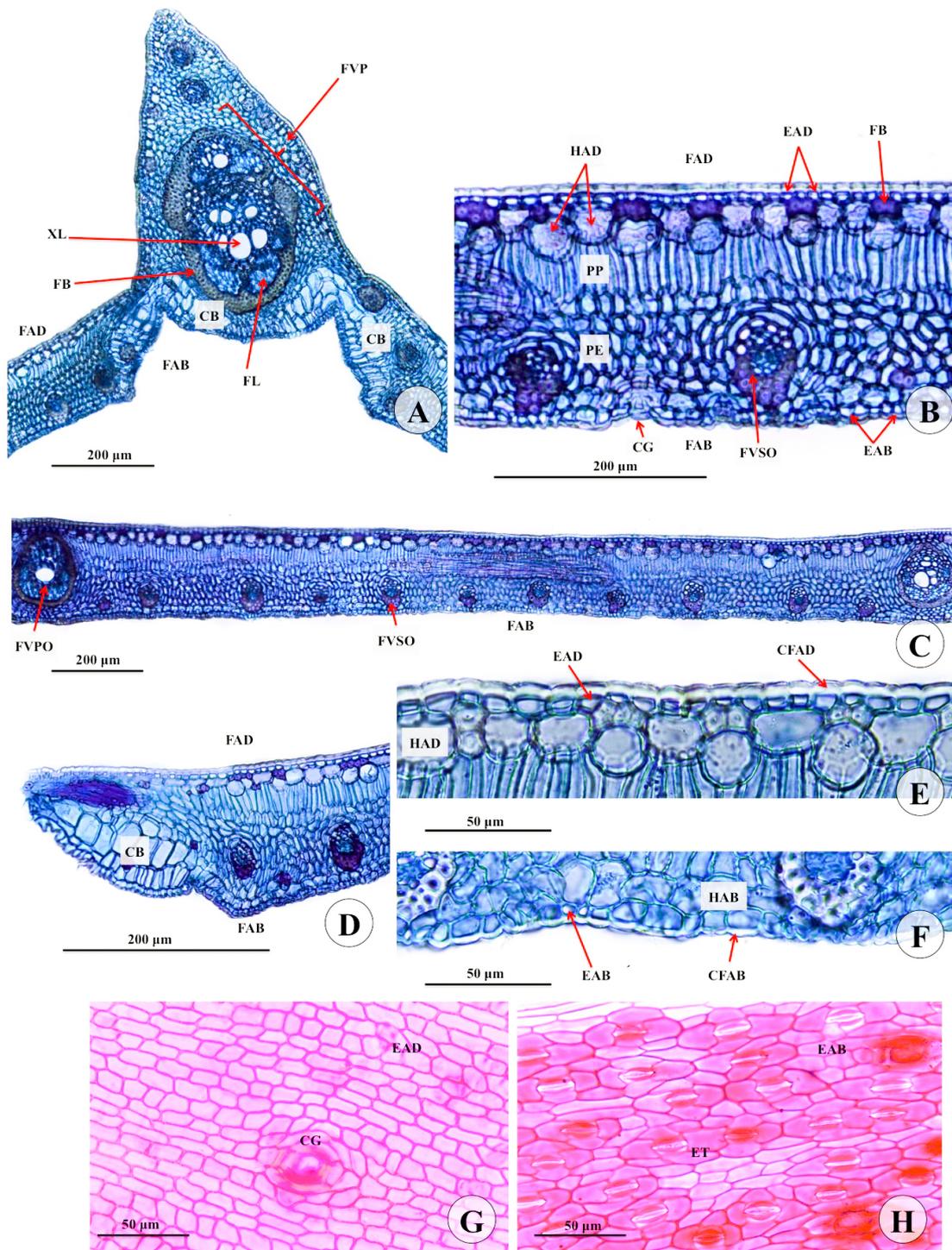
**Feixe vascular principal** colateral, ovoide, livre, tanto adaxial quanto abaxialmente, envolto em de feixe de fibras extraxilemáticas, **região da nervura principal** com formato triangular, com ângulo agudo (Fig. 13-A); **protoxilema** voltado para a face adaxial; **floema** permeando o xilema abaxialmente e adaxialmente (Fig. 13-A); **células buliformes** retangulares, em grupos 2-3 vezes mais largo que alto, 3 camadas celulares (Fig. 13-B); **grupos de fibras** permeando as células buliformes (Fig. 13-A); **mesofilo** dorsiventral (115,75 µm), 5-7 camadas de células (Fig. 13-B); **parênquima paliçádico** com 1 camadas de células, mais de 4 vezes mais altas do que largas (Fig. 13-B); **parênquima lacunoso** com células isodiamétricas; entre a camada de células paliçádicas e o parênquima esponjoso foi observada a presença de **corpos silicosos** em vários cortes (destaque da figura 13-B); **hipoderme adaxial** espessa (25,2 µm de espessura), células isodiamétricas ou ovóides (Fig. 13-B); **grupos de fibras** localizadas entre a epiderme e a hipoderme adaxial (Fig. 13-B); **hipoderme abaxial** delgada (8,5 µm de espessura), células retangulares ou ovóides (Fig. 13-B); **grupos de fibras** localizadas entre a epiderme e a hipoderme abaxial (Fig. 13-B); **lâmina foliar** com ondulações adaxialmente e abaxialmente (Fig. 13-C); **feixes vasculares de primeira ordem** livres abaxialmente e travados adaxialmente (Fig. 13-C); **feixes vasculares de segunda ordem** travados abaxialmente (Fig. 13-C); **cicatriz de tricomas glandulares** presentes em ambas as faces (Fig. 13-C); **margem foliar** arredondada, permeada por feixes vasculares livres (Fig. 13-D); **epiderme uniestratificada** (Figs. 13-E e 13-F); **cutícula** espessa adaxialmente (5,37 µm) (Fig. 13-E); **células comuns da epiderme da face adaxial** retangulares, trapezoides ou em formato de losango (26,5 µm - 52,5 µm de comprimento por 10,37 µm de largura) (Fig. 13-G); **células comuns da epiderme da face abaxial** predominantemente retangulares ou trapezoides, (8,07 µm-20,65 µm de comprimento por 12,65 µm de largura) (Fig. 13-H); câmaras subestomáticas ausentes (Fig. 13-H); **complexo estomático tetracítico**, estômatos dispostos regularmente em fileiras (Fig. 13-H); **células-guarda** mais compridas que largas (19,05 µm de comprimento e 5,75 µm de largura) com formato reniforme (Fig. 13-H); **células subsidiárias polares** com formato trapezoides (Fig. 13-H); **células subsidiárias laterais** com formato reniforme (Fig. 13-H); **pinas** hipoestomáticas (Figs. 13-G e 13-H).



**Figura 13.** Anatomia foliar de *Attalea maripa* (Aubl. Mart.). **A-F:** Secções transversais; **G-H:** Cortes paradérmicos. **A. Segmento foliar com a nervura principal** com formato triangular e ângulo agudo: FVP- Feixe vascular principal, XL – Xilema, FL-Floema, FB – Fibras, CB – células buliformes, FAD - Face adaxial, FAB – Face abaxial. **B. Ampliação da lâmina foliar:** FAD - Face adaxial, FAB – Face abaxial, HAD - Hipoderme da face adaxial, HAB - Hipoderme da face abaxial, FB – Fibras, EAD – Epiderme da face adaxial, EAB – Epiderme da face abaxial, PP- Parênquima Paliçádico, PE-Esponjoso, FVSO -Feixe vascular de segunda ordem, CS-Corpo silicoso em destaque. **C. Padrão dos feixes vasculares na lâmina foliar:** FAD - Face adaxial, FAB – Face abaxial, FVPO-Feixe vascular de primeira ordem, FVSO - Feixe vascular de segunda ordem. **D. Margem foliar** com ângulos arredondados. **E. Ampliação da face adaxial:** CFAD - Cutícula da face adaxial, EAD- epiderme da face adaxial. **F. Ampliação da face abaxial:** CFAB - Cutícula da face abaxial, EAB- epiderme da face adaxial. **G. Epiderme da face adaxial.** **H. Epiderme da face abaxial** com disposição dos estômatos em fileiras. ET: Estômatos. Escalas: **A- D:** 200 µm. **E-H:** 50 µm.

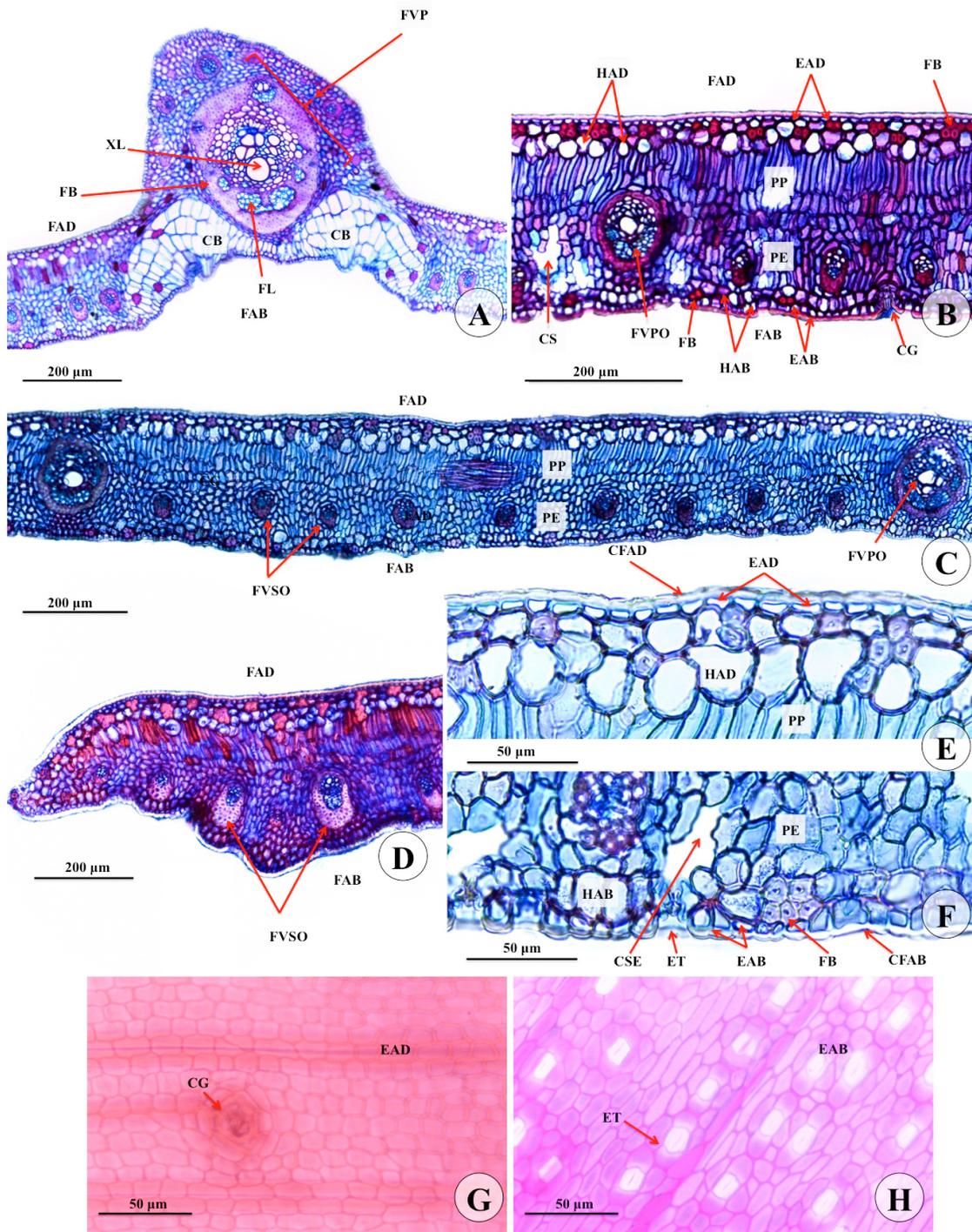
*Attalea phalerata*

**Feixe vascular principal** colateral, ovoide, livre ou semi-travado, tanto adaxial quanto abaxialmente, envolto em de feixe de fibras extraxilemáticas, **região da nervura principal** com formato triangular com angulo agudo; **protoxilema** voltado para a face adaxial; **floema** permeando o xilema abaxialmente e adaxialmente (Fig. 14-A); **células buliformes** retangulares, em grupos 3-4 vezes mais largo que alto, 3 camadas celulares (Fig. 14-A); **grupos de fibras** permeando as células buliformes (Fig. 14-A); **mesofilo** dorsiventral, 6-8 camadas de células (135,25 µm de espessura) (Fig. 14-B); **parênquima paliçádico** com 1 camadas de células, mais de 7 vezes mais altas do que largas (Fig. 14-B); **parênquima lacunoso** com células isodiamétricas (Fig. 14-B); **hipoderme adaxial** espessa (25,25 µm de espessura), células ovoides ou isodimétricas (Fig. 14-B); **grupos de fibras** localizadas entre a epiderme e a hipoderme adaxial (Fig. 14-B); **hipoderme abaxial** delgada (12,92 µm de espessura), células ovoides (Fig. 14-B); **lâmina foliar** plana adaxialmente e com ondulações abaxialmente (Fig. 14-C); **grupos de fibras** localizadas entre a epiderme e a hipoderme abaxial (Fig. 14-B); **feixes vasculares de primeira ordem** travados adaxialmente (Fig. 14-C); **feixes vasculares de segunda ordem** travados abaxialmente ou livres (Fig. 14-C); **feixes vasculares de terceira ordem** travados abaxialmente (Fig. 14-C); **cicatriz de tricomas glandulares** presentes em ambas as faces (Fig. 14-C); **margem foliar** com ângulos agudo ou obtuso, com 2-3 camadas células buliformes presentes na face abaxial (Fig. 14-D); **epiderme uniestratificada** (Figs. 14-E e 14-F); **cutícula adaxial** mediana (6,75 µm) (Fig. 14-E); **células comuns da epiderme da face adaxial** predominantemente retangulares (21,7 µm - 34,0 µm de comprimento por 10,4 µm de largura) (Fig. 14-G); **cutícula abaxial** delgada (4,57 µm) (Fig. 14-F); **células comuns da epiderme da face abaxial** com células retangulares, trapezoides e em formato de losango (41,5 µm - 60,0 µm de comprimento por 16.85 µm de largura) (Fig. 14-H); câmaras subestomáticas ausentes; **complexo estomático tetracítico**, estômatos dispostos regularmente em fileiras (Fig. 14-H); **células-guarda** 1-2 vezes mais compridas que largas (23,27 µm de comprimento e 6,27 µm de largura) (Fig. 14-H); **células subsidiárias laterais** reniformes (Fig. 14-H); **células subsidiárias polares** com formato ou reniformes (Fig. 14-H); **pinas** hipoestomáticas (Figs. 14-G e 14-H).



**Figura 14.** Anatomia foliar de *Attalea phalerata* (Mart. ex Spreng.). **A-F:** Secções transversais; **G-H:** Cortes paradérmicos. **A. Segmento foliar com a nervura principal** com formato triangular e ângulo agudo: FVP- Feixe vascular principal, XL – Xilema, FL-Floema, FB – Fibras, CB – células buliformes, FAD - Face adaxial, FAB – Face abaxial. **B. Ampliação da lâmina foliar:** FAD - Face adaxial, FAB – Face abaxial, HAD - Hipoderme da face adaxial, HAB - Hipoderme da face abaxial, FB – Fibras, EAD – Epiderme da face adaxial, EAB – Epiderme da face abaxial, PP- Parênquima Paliádico, PE-Esponjoso, FVSO -Feixe vascular de segunda ordem. **C. Padrão dos feixes vasculares na lâmina foliar:** FAD - Face adaxial, FAB – Face abaxial, FVPO-Feixe vascular de primeira ordem, FVSO - Feixe vascular de segunda ordem. **D. Margem foliar** com ângulos arredondados e presença de células buliformes, CB – células buliformes. **E. Ampliação da face adaxial:** CFAD - Cutícula da face adaxial, EAD- epiderme da face adaxial. **F. Ampliação da face abaxial:** CFAB - Cutícula da face abaxial, EAB-epiderme da face adaxial. **G. Epiderme da face adaxial,** CG- Cicatriz glandular. **H. Epiderme da face abaxial** com disposição dos estômatos em fileiras. ET: Estômatos. Escalas: **A- D:** 200 µm. **E-H:** 50 µm.

**Feixe vascular principal** colateral, ovoide, livre tanto adaxial quanto abaxialmente, envolto em feixe de fibras extraxilemáticas (Fig. 15-A); **região da nervura principal** com formato trapezoide e extremidades arredondadas (Fig. 15-A); **protoxilema** voltado para a face adaxial; **floema** permeando o xilema abaxialmente e adaxialmente (Fig. 15-A); **células buliformes** retangulares, em grupos 3-4 vezes mais largo que alto, 3 camadas celulares (Fig. 15-A); **grupos de fibras** permeando as células buliformes (Fig. 15-A); **mesofilo** dorsiventral, 10-12 camadas de células (199 µm de espessura) (Fig. 15-B); **parênquima paliçádico** com 2 camadas de células, mais de 10 vezes mais altas do que largas (Fig. 15-B); **parênquima lacunoso** com células isodiamétricas (Fig. 15-B); **hipoderme adaxial** espessa (50,2 µm de espessura), células ovóides ou isodiamétricas (Fig. 15-B); **grupos de fibras** localizadas entre a epiderme e a hipoderme adaxial (Fig. 15-B); **hipoderme abaxial** espessa (18,1 µm de espessura), células ovóides ou isodimétricas (Fig. 15-B); **grupos de fibras** localizadas entre a epiderme e a hipoderme abaxial (Fig. 15-B); **lâmina foliar** com ondulações tanto adaxialmente quanto abaxialmente (Fig. 15-C); **feixes vasculares de primeira ordem** travados adaxialmente (Fig. 15-C); **feixes vasculares de segunda ordem** travados abaxialmente ou livres (Fig. 15-C); **feixes vasculares de terceira ordem** livres (Fig. 15-C); **cicatriz de tricomas glandulares** presentes em ambas as faces (Fig. 15-C); **margem foliar** com ondulações na face abaxial e presença de feixes vasculares de segunda e terceira ordem (Fig. 15-D); **epiderme uniestratificada** (Figs. 15-E e 15-F); **cutícula adaxial** espessa (8,13 µm) (Fig. 15-E); **células comuns da epiderme da face adaxial** retangulares (19,17 µm – 32,0 µm de comprimento por 13,7 µm de largura) (Fig. 15-E); **cutícula abaxial** espessa (7,35 µm) (Fig. 15-F); **células comuns da epiderme da face abaxial** predominantemente retangulares ou trapezoides (11,52 µm – 16,75 µm de comprimento por 11,52 µm de largura) (Fig. 15-F); **câmaras subestomáticas** presentes (Fig. 15-F); complexo estomático tetracítico, estômatos dispostos regularmente em fileiras (Fig. 15-H); **células-guarda** 1-2 vezes mais compridas que largas (21,15 µm de comprimento e 6,22 µm de largura) (Fig. 15-H); **células subsidiárias laterais** reniformes (Fig. 15-H); **células subsidiárias polares** com formato reniformes (Fig. 15-H); **pinas** hipoestomáticas (Figs. 15-G e 15-H).



**Figura 15.** Anatomia foliar de *Attalea vitrivir* (Burret). **A-F:** Secções transversais; **G-H:** Cortes paradérmicos. **A. Segmento foliar com a nervura principal** com formato trapezoide e ângulos arredondados: FVP- Feixe vascular principal, XL – Xilema, FL-Floema, FB – Fibras, CB – células buliformes, FAD - Face adaxial, FAB – Face abaxial. **B. Ampliação da lâmina foliar:** FAD - Face adaxial, FAB – Face abaxial, HAD - Hipoderme da face adaxial, HAB - Hipoderme da face abaxial, FB – Fibras, EAD – Epiderme da face adaxial, EAB – Epiderme da face abaxial, PP- Parênquima Paliçádico, PE-Esponjoso, FVSO -Feixe vascular de segunda ordem, CS- câmaras subestomáticas, CG- Cicatriz glandular. **C. Padrão dos feixes vasculares na lâmina foliar:** FAD - Face adaxial, FAB – Face abaxial, FVPO-Feixe vascular de primeira ordem, FVSO - Feixe vascular de segunda ordem. **D. Margem foliar** com ondulações na face abaxial. **E. Ampliação da face adaxial:** CFAD - Cutícula da face adaxial, EAD- epiderme da face adaxial. **F. Ampliação da face abaxial:** CFAB - Cutícula da face abaxial, EAB- epiderme da face adaxial. **G. Epiderme da face adaxial,** CG- Catriz glandular. **H. Epiderme da face abaxial** com disposição dos estômatos em fileiras. ET: Estômatos. Escalas: **A- D:** 200 µm. **E-H:** 50 µm.

## DISCUSSÃO

Os caracteres anatômicos foliares se mostraram taxonomicamente informativos e podem ser utilizados para a classificação das sete espécies de *Attalea* analisadas, assim como já foi registrado para outros gêneros de palmeira (SILVA & POTIGUARA, 2008; TOMLINSON *et al.*, 2011; PINEDO *et al.*, 2016).

Ondulações na superfície adaxial e abaxial foram encontradas em todas as espécies estudadas, exceto na face adaxial de *A. speciosa* e *A. phalerata*. As sete espécies observadas apresentaram epiderme unisseriada nas duas faces. Na face adaxial, as células epidérmicas apresentaram forma retangular ou trapezoides, com paredes retas, exceto em *A. speciosa* que apresentou ondulações. Ambas as faces são revestidas por uma cutícula espessa, sendo a cutícula da face adaxial mais espessa que a da face abaxial em todas as espécies.

Algumas características anatômicas são comuns a todas as espécies analisadas, tais como, cicatrizes de tricomas tectores glandulares, em ambas as epidermes adaxial e abaxial; mesofilo dorsiventral e complexo estomático tetracítico. Esse complexo foi observado nas sete espécies de *Attalea* analisadas e é tido como típico de palmeiras (caracterizados por possuir quatro células subsidiárias, duas delas paralelas às células-guarda e o par restante com localização polar ao estômato). Embora Tomlinson e colaboradores (2011) tenham relatado que os estômatos das palmeiras não necessariamente ocorram em fileiras longitudinais regulares e contínuas, este padrão foi observado em todas as espécies deste estudo.

Ademais, todas as espécies são hipoestomáticas, com exceção de *A. barreirenses*, que é anfiestomática, apresentando estômatos em ambas as faces. Esta classificação corrobora o trabalho de Santos e colaboradores (2011). Podem ocorrer células geminadas: célula subsidiária polares comum a dois estômatos. As células subsidiárias laterais das sete espécies apresentaram formato reniforme. As células subsidiárias polares das espécies *A. speciosa*, *A. barreirensis*, *A. eichleri*, *A. phalerata* e *A. vitrivir* apresentaram formato reniforme, enquanto que as células subsidiárias polares das espécies *A. funifera* e *A. maripa* apresentaram formato trapezoide.

O número de camadas do parênquima paliçádico variou de uma (*A. speciosa*, *A. funifera*, *A. maripa* e *A. phalerta*) a três (*A. barreirensis*, *A. eichleri* e *A. vitrivir*) e o parênquima esponjoso quatro a oito camadas, onde estão dispostos feixes fibrosos e fibrovasculares. O parênquima paliçádico em seção transversal, apresenta células alongadas, com forma de barras e dispostas em fileiras com espaços intercelulares reduzidos, exceto nas regiões subjacentes às células estomáticas,

onde as lacunas delimitam câmaras subestomáticas em algumas espécies. As células do tecido esponjoso são isodiamétricas, ocorrendo esporadicamente células de aspecto retangular.

A nervura central possui um tecido de expansão, multiestratificado, com aproximadamente três-quatro camadas denominadas células buliformes. A presença desse tecido de expansão está relacionada com mecanismos de flexibilidade das pinas. Essas estruturas são conspícuas, ocorreram apenas na face abaxial e ocuparam quase toda a espessura da lâmina foliar, corroborando as observações realizadas para a tribo Cocoseae apresentadas por Tomlinson (1961).

O sistema vascular é formado, exclusivamente, de xilema e floema primários e periciclo. O periciclo apresenta-se como fibras. O feixe vascular é rodeado por uma grossa camada de fibras extraxilemáticas. A nervura central em secção transversal apresenta-se mais proeminente adaxialmente, situando-se na região mediana do limbo das pinas. Feixes vasculares colaterais (secundários e terciários) localizam-se principalmente no parênquima lacunoso, embora os de dimensões maiores adentrem o paliçádico. Alguns desses feixes colaterais encontravam-se travados. O número de feixes colaterais entre os feixes primários não podem ser utilizados para separar as espécies estudadas, pois pode variar dentro de uma mesma espécie.

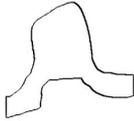
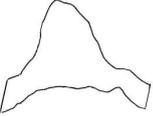
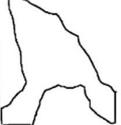
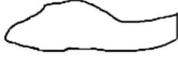
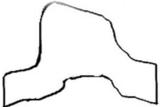
As nervuras possuem floema indiviso voltado à face abaxial e xilema à adaxial. Os feixes vasculares secundários e terciários de *A. barreirensis* e *A. vitrivir* são livres tanto abaxialmente quanto adaxialmente, no entanto, os feixes primários são travados em pelo menos uma das faces. Tais observações estão em acordo com o apresentado por Tomlinson e colaboradores (2011), que afirmam que os feixes longitudinais encontram-se em contato com uma ou ambas as faces epidérmicas em Attaleinae.

A hipoderme, em geral, apresentou-se bem desenvolvida e mais espessa que a epiderme, tanto adaxial quanto abaxialmente, o mesmo foi observado por Tomlinson e colaboradores (2011) para o gênero *Cocos*. Comparadas às células hipodérmicas, as células epidérmicas das palmeiras são quase sempre mais delgadas (TOMLINSON *et al.*, 2011).

De uma maneira geral, as fibras apresentaram-se abundantes, com padrões de organização distintos na hipoderme, conforme apontado por Tomlinson (1961) para a tribo Cocoseae. De acordo com Tomlinson e colaboradores (2011), as fibras em Attaleinae encontram-se sempre associadas a uma das faces hipodérmicas, podendo situar-se interna ou externamente a essa estrutura. Neste trabalho, observou-se que em *A. eichleri* e *A. funifera* apresentaram feixes de fibras situados somente na hipoderme adaxial, enquanto que *A. speciosa*, *A. barreirensis*, *A. phalerata*, *A. maripa* e *A. vitrivir*

os feixes foram encontrados tanto na hipoderme adaxial quanto na hipoderme abaxial. Em todas as sete espécies as fibras estavam situadas internamente à hipoderme.

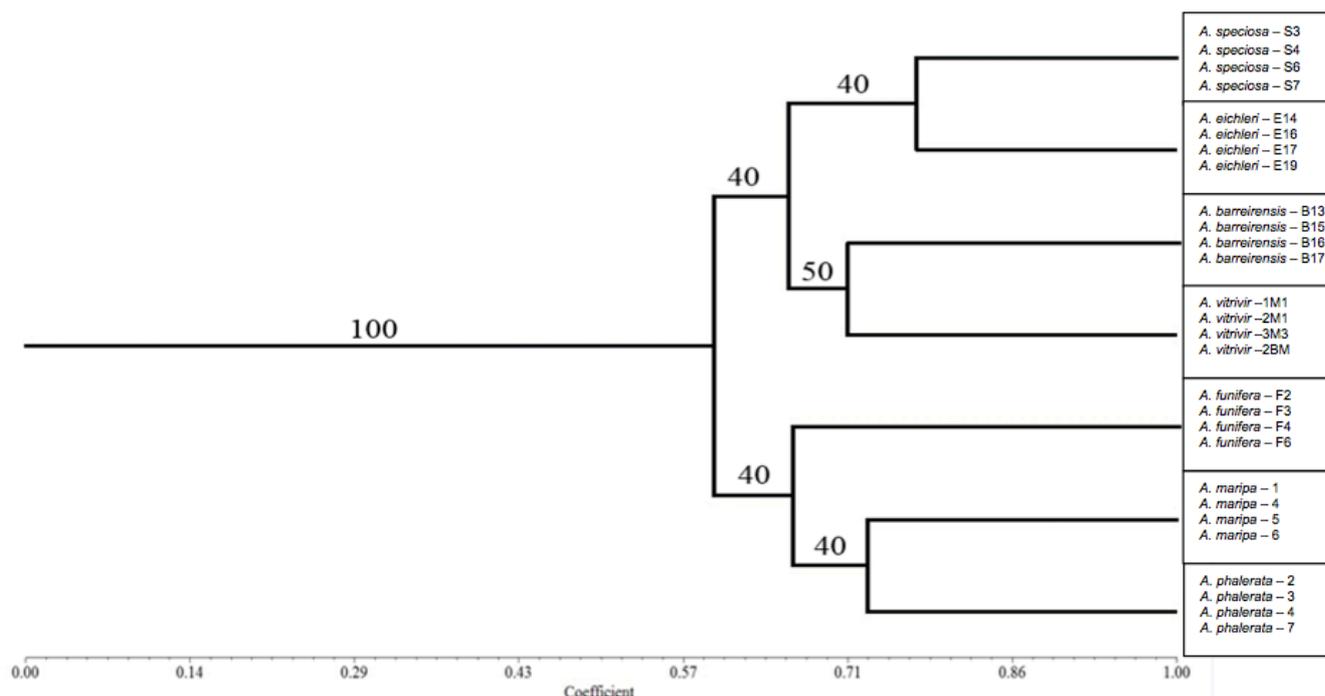
Os formatos das secções foliares transversais onde se encontram as nervuras principais é de grande valor taxonômico para as espécies estudadas. *Attalea barreirensis*, *A. funifera* e *A. vitrivir* apresentaram formato trapezoide com extremidade arredondadas. As espécies *A. speciosa* e *A. eichleri* apresentaram formato trapezoide com extremidade aguda. Já as espécies *A. phalerata* e *A. maripa* apresentaram formato triangular (Figura 16). A margem foliar e a localização dos feixes vasculares e dos grupos de fibras com relação à margem variaram muito entre as espécies. A espécie *A. phalerata* apresentou células buliformes em sua extremidade abaxial.

Espécies	Segmento da nervura central	Margem foliar
<i>A. speciosa</i>		
<i>A. barreirensis</i>		
<i>A. eichleri</i>		
<i>A. funifera</i>		
<i>A. maripa</i>		
<i>A. phalerata</i>		
<i>A. vitrivir</i>		

**Figura 16.** Formas das secções foliares transversais onde se encontram as nervuras principais e formas das margens foliares das espécies *Attalea* estudadas.

Foram observados corpos silicosos somente em *A. maripa*. Essa constatação está em acordo com Tomlinson (2011), que observou que os tecidos de palmeiras são frequentemente muito fibrosos, fortemente lignificados e com frequente ocorrência de corpos de sílica.

A similaridade entre as amostras estimada pelo coeficiente de Jaccard através do dendograma obtido pelo programa NTSYS-pc pode ser observada na Figura 17.



**Figura 17.** Dendograma gerado pelo método UPGMA para o coeficiente de JACCARD para os dados morfológicos obtidos através da anatomia foliar das espécies *A. speciosa*, *A. barreirensis*, *A. eichleri*, *A. funifera*, *A. maripa*, *A. phalerata* e *A. vitrivir*.

Analisando-se o dendograma, observa-se uma maior similaridade entre as espécies *A. speciosa* e *A. eichleri*, entre as espécies *A. vitrivir* e *A. barreirensis* e entre as espécies *A. maripa* e *A. phalerata*. Observa-se também o agrupamento das espécies *A. speciosa*, *A. eichleri*, *A. barreirensis* e *A. vitrivir*, assim como o agrupamento das espécies *A. funifera*, *A. maripa* e *A. phalerata* em dois grupos distintos. Contudo, nenhuma destas similaridades entre estas espécies foi observada na revisão que Pintaud (2008) e colaborades realizaram entre os autores Glassman 1999, Henderson e colaboradores (1995) e Govaerts e Dransfield (2005).

## CONCLUSÃO

A anatomia foliar das sete espécies estudadas do gênero *Attalea* foi altamente informativa. Os dados gerados podem auxiliar na identificação das espécies, assim como na classificação taxonômica das mesmas.

Os caracteres anatômicos foliares descritos foram suficientes para distinguir as sete espécies analisadas. No entanto, levando-se em consideração o complexo babaçu e a alta diversidade de espécies e quantidade de híbridos, são necessários mais estudos anatômicos foliares para se estimar com maior confiabilidade a relação entre as espécies deste gênero.

## **CAPÍTULO 2**

---

---

**APLICAÇÃO E AVALIAÇÃO DE DNA *BARCODE* EM ESPÉCIES DO  
COMPLEXO BABAÇU (*Attalea* spp.)**

## RESUMO

O babaçu (*Attalea* spp.) é uma palmeira nativa, com ampla distribuição no Nordeste do Brasil e no sul da Bacia Amazônica e é um importante recurso natural na região. É um dos principais produtos extrativistas do país, contribuindo significativamente para a economia de alguns estados brasileiros. A identificação taxonômica do conjunto de espécies de babaçu é complexa, e não há consenso entre os diversos autores, por isso, esse conjunto de espécies é denominado “complexo babaçu”. A existência de híbridos naturais entre espécies, o baixo número de coleções feitas e baixo número de estudos no gênero dificulta a identificação taxonômica correta dessas espécies. O sistema de identificação molecular por DNA *barcode* auxilia na identificação rápida e eficiente das espécies. Foram realizados estudos com DNA *barcode* em sete espécies de babaçu: *A. speciosa*, *A. barreirensis*, *A. eichleri*, *A. funifera*, *A. maripa*, *A. phalerata*, *A. vitrivir* e híbridos de *A. speciosa* e *A. eichleri* – *A. teixeirana*. As regiões do DNA analisadas foram: *matK*, *rbcL*, ITS, *psbA-trnH*, *trnL* e PRK. As árvores filogenéticas foram construídas utilizando-se os métodos de Inferência Bayesiana, Máxima Parcimônia e Máxima Verossimilhança. Sequências de DNA das mesmas regiões analisadas, de outras espécies de *Attalea* encontrada no *GenBank* foram acrescentadas na construção das árvores filogenéticas. Os marcadores *rbcL*, *trnL* e *matK* mostraram resolução insuficiente para a discriminação das espécies. Os marcadores *psbA-trnH*, ITS e PRK mostraram resultados potencialmente satisfatórios para discriminar espécies de *Attalea*. O uso de DNA *barcode* em *Attalea*, no entanto, precisa ser aprimorado, na otimização de extração de DNA, PCR e protocolos de sequenciamento, bem como na escolha e a combinação dos marcadores utilizados.

**Palavras-chave:** *Attalea*, Babaçu, *barcode*, *matK*, *rbcL*, *trnL*, *psbA-trnH*, ITS e PRK

## ABSTRACT

The babassu (*Attalea* spp.) is a native palm with wide distribution in Northeast Brazil and the south of the Amazon Basin and is an important natural resource in the region. It is one of the main extractive products of the country, contributing significantly to the economy of some Brazilian states. The morphological identification of babassu species is difficult and there is no clear taxonomic consensus among the various published monographs, so that the group is often referred to as the "babassu complex". The existence of natural hybrids between species, the low number of collections made and low number of studies in the genus hinders correct taxonomic identification of these species. Molecular identification in the form of DNA barcoding can assist in reliable and efficient identification of *Attalea* species. In the current work, the potential of DNA barcoding was investigated in seven babassu species: *A. speciosa*, *A. barreirensis*, *A. eichleri*, *A. funifera*, *A. maripa*, *A. phalerata*, *A. vitrivir* and hybrids of *A. speciosa* and *A. eichleri* - *A. teixeirana*. The analyzed DNA loci were: *matK*, *rbcL*, ITS, *psbA-trnH*, *trnL* and PRK. Phylogenetic trees were constructed using Bayesian, Maximum Parsimony and Maximum Likelihood methods. Cognate DNA sequences from *Attalea* species were obtained from GenBank where available. The DNA barcode loci *rbcL*, *trnL* and *matK* showed insufficient resolution for discrimination of species. The *psbA-trnH* markers, ITS and PRK showed potentially satisfactory results for discriminating *Attalea* species. The use of DNA barcodes in *Attalea*, however, needs to be improved, in the optimization of DNA extraction, PCR and sequencing protocols, as well as the choice and combination of markers used.

**Key words :** *Attalea*, Babassu, barcode, *matK*, *rbcL*, *trnL*, *psbA-trnH*, ITS e PRK

## INTRODUÇÃO

*Attalea* é um dos gêneros de palmeiras mais importantes da região Neotropical. A identificação de espécies de *Attalea*, no entanto, tem sido difícil por várias razões, como a escassez de boas coleções de herbário e ao caráter sazonal das florações. Além destas razões, não há consenso na classificação entre os diversos autores (PINTAUD, 2008). O desenvolvimento de híbridos naturais entre as espécies, o baixo número de coletas e a pequena quantidade de estudos sobre o gênero também dificultam a correta identificação taxonômica dessas espécies (ANDERSON & BALICK, 1988; PINTAUD, 2008).

A discriminação das espécies baseada em caracteres morfológicos apresenta limitações muito significativas. A plasticidade fenotípica e a variabilidade genética nos caracteres empregados para o reconhecimento de espécies podem levar a uma identificação incorreta (AZEREDO, 2005). A abordagem morfológica omite complexos críticos, caracterizados quando diferentes espécies apresentam a mesma morfologia. Além destas limitações, chaves morfológicas frequentemente são eficientes somente para um estágio do ciclo de vida e assim muitos indivíduos não podem ser identificados (AZEREDO, 2005). Estas limitações do sistema de identificação com bases morfológicas sinalizam a necessidade de uma nova abordagem para identificação de táxons (AZEREDO, 2005).

Hebert e colaboradores (2003) propuseram um sistema de identificação molecular conhecido por DNA *barcode* que consiste na utilização de uma pequena sequência de DNA para a discriminação de todas as espécies (CARVALHO *et al.*, 2008).

A região de DNA *barcode* ideal deve atender a alguns critérios: a sequência do fragmento deve ser curta, para facilitar a amplificação e o sequenciamento; deve apresentar variabilidade suficiente para separar as espécies; e deve apresentar sítios conservados para o desenvolvimento de *primers* universais (FORD *et al.*, 2009). O propósito do DNA *barcode* não é solucionar relações filogenéticas, mas utilizar análises filogenéticas para a detecção de grupos monofiléticos e consequente delimitação das espécies (NELSON *et al.*, 2007).

Este trabalho teve por objetivo identificar marcadores moleculares *barcode* eficientes na discriminação de sete espécies do complexo babaçu: *A. speciosa*, *A. barreirensis*, *A. eichleri*, *A. funifera*, *A. maripa*, *A. phalerata* e *A. vitrivir*, do híbrido *A. teixeirana* (híbrido entre *A. speciosa* e *A. eichleri*) e analisar esses resultados através dos métodos de distância de Kimura 2-parâmetros (K2P), inferência bayesiana (IB), máxima parcimônia (MP) e máxima verossimilhança (MV).

## MATERIAL E MÉTODOS

O estudo de DNA *barcode* foi desenvolvido no Laboratório de Genética Vegetal da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.

### Amostragem

Foram utilizadas amostras de folhas coletadas em campo, que foram armazenadas com sílica após a coleta. O resumo das informações das amostras coletadas em campo utilizadas neste estudo encontram-se na Tabela 5, informações mais detalhadas se encontram na tabela 15, Anexo II (páginas 93-95). Foram utilizadas também amostras foliares retiradas de exsiccatas (Tabela 6). Sequências de *Attalea*, assim como as sequências de *outgroups* (*Cocos nucifera*) utilizadas nas análises foram obtidas do *GenBank* (Tabela 7).

**Tabela 5.** Tabela de amostras de espécies babaçu coletadas com suas respectivas origens utilizadas neste estudo.

<i>A. teixeirana</i> – hīb – BA1	Perinã. Localidade: Grajaú, MA.
<i>A. teixeirana</i> – hīb – BA4	"eichleri grande". Localidade: Grajaú, MA.
<i>A. teixeirana</i> – hīb – BA39	"speciosa alta". Localidade: Grajaú, MA.
<i>A. teixeirana</i> – hīb – CT22	Intermediária entre pindova e "eichleri grande". Localidade: Caxias, MA.
<i>A. teixeirana</i> – hīb – CT01 e CT02	Pindova, acaule. Localidade: Caxias, MA.
<i>A. teixeirana</i> – hīb – CT02	Pindova, acaule. Localidade: Caxias, MA.
<i>A. teixeirana</i> – hīb – CT16 e CT20	"eichleri grande". Localidade: Caxias, MA.
<i>A. teixeirana</i> – hīb – CT37	Pindova. Localidade: Caxias, MA.
<i>A. teixeirana</i> – hīb – CT38	"eichleri grande". Localidade: Caxias, MA.
<i>A. teixeirana</i> – hīb – LA19	"speciosa baixa", talvez perinã. Localidade: Lajeado Novo, MA.
<i>A. teixeirana</i> – hīb – FZ12	Localidade: Grajaú, MA.
<i>A. barreirensis</i> – Amostras B1- B17	População (pop. 21). Localidade: São Raimundo das Mangabeiras, MA.
<i>A. eichleri</i> - E04, E17, E18, E18, E19, E11	População (pop. 18). Localidade: Carolina, MA.
<i>A. eichleri</i> – CT07	População (pop. 18). Localidade: Carolina, MA.
<i>A. eichleri</i> – ES22	Localidade: Estreito, MA.
<i>A. funifera</i> – 1 -15	Coleção particular do Carlos Alex na Bahia
<i>A. maripa</i> – 1- 12	Coleção particular do Carlos Alex na Bahia
<i>A. phalerata</i> – P12	População (pop.15). Localidade: Tocantinópolis, TO.
<i>A. phalerata</i> – P30, P36	População (pop.17). Localidade: Carolina, MA.
<i>A. speciosa</i> – CT46 e CT47	Localidade: Caxias, MA.
<i>A. speciosa</i> – S3, S4, S5,S6, S7, S8, S9 e S17	População (pop.12). Localidade: Nazaré, TO.
<i>A. vitrivirir</i> – 1BM, 2BM e 8BM	Bonito de Minas (MG), próximo de Montes Claros - Fornecido pela Universidade Estadual de Montes Claros
<i>A. vitrivirir</i> – 1M1 e 2M1	Montalvânia – MG – Divisa de MG com o sul da Bahia - Fornecido pela Universidade Estadual de Montes Claros

**Tabela 6.** Amostras de herbário utilizadas no estudo.

Espécies	Amostras de Herbário	
	Universidade de Brasília – UnB (UB)	Embrapa Cenargen (CEN)
<i>A. barreirensis</i>	n° 36868 – W.R. Anderson, M.S. Stiebis, J.H. Kinkbride Jr. - 1972	n° 52072 – A.O. Scariot
<i>A. eichleri</i>	n° 1091 – R.C. Martins, M.S. Oliveira - 2010	n° 52073 – A.O. Scariot - 2002
<i>A. maripa</i>	-	n° 12546 - A.O. Scariot - 1988
<i>A. phalerata</i>	n° 238 – R.C. Martins, T. Figueira - 1998	n° 56852 – R.F.Viera <i>et al.</i> - 1473
<i>A. speciosa</i>	n° 10110 D. Mítiga, R.C. Martins - 2006	n° 58039 – M.J Balick <i>et al.</i>
<i>A. vitrivir</i>	-	n° 10759 – J.G. Vieira - 1980

**Tabela 7.** Sequências retiradas do *GenBank* para a construção das árvores

Espécies	N° do acesso no <i>GenBank</i>						
	ITS	<i>matK</i>	<i>psbA-trnH</i>	<i>rbcL</i>	PRK	RPB2	<i>trnL</i>
<i>A. allenii</i>	-	AM114636.1	-	AJ404829.1	AJ831346.1	AJ830207	AJ241312.1
<i>A. butyracea</i>	-	JQ586691.1	-	JQ590420.1	-	-	-
<i>A. cohune</i>	-	-	-	-	AY601239.1	-	-
<i>A. crassipatha</i>	-	-	-	-	-	-	AJ241321.1
<i>A. cuatrecasana</i>	-	-	-	-	AY601241.1	-	-
<i>A. oleifera</i>	-	-	-	-	AY601238.1	-	-
<i>A. phalerata</i>	-	*HQ265548.1	KC924913.1	-	AY601240.2	HQ265644.1	HQ265783.1
<i>A. rostrata</i>	-	GQ981943.1	GQ982156.1	GQ981675.1	-	-	-
<i>A. speciosa</i>	-	-	KC924916.1	-	AY601245.1	-	-
<i>C. nucifera</i>	HQ265515.1	HQ265564.1	GQ435464.1	AY012507.1	AY601235.1	EF491150.1	AM113647.1

\*Sequência de *Attalea* referenciada no CBOL.

### Extração de DNA

Para os estudos de DNA *barcode* foi realizada a extração do DNA genômico das amostras de babaçu coletadas em campo e das amostras fornecidas pelos herbários de acordo com o protocolo CTAB (DOYLE & DOYLE, 1987), adaptado. Primeiramente as folhas foram trituradas com *Mini beadbeater* (Biospec Products Inc.) e incubadas por 45 minutos a 65°C em uma solução com 700µL de CTAB 2% e 1% de β-mercaptoetanol. O CTAB lisa as membranas e o β-mercaptoetanol inibe a oxidação do material. Posteriormente, adicionou-se CIA (clorofórmio: álcool isoamílico, 24:1), foi feita homogeneização da solução e centrifugação para separação em duas fases. O CIA promove a extração dos lipídios, proteínas e polissacarídeos, que permanecem na fase inferior, enquanto que o DNA permanece na fase aquosa, superior. O DNA foi precipitado em álcool isopropílico e lavado com etanol. Ao final foi ressuspensão em 100 µL de solução tampão Tris-EDTA e RNase (proporção de 1mL: 2 µL, respectivamente).

## Quantificação do DNA

Os produtos da extração foram quantificados através de eletroforese horizontal em gel de agarose 1%, corado com brometo de etídio e visualizados em transiluminador de luz ultravioleta (UV). A qualidade do DNA extraído foi avaliada visualmente e sua concentração estimada por comparação com uma amostra de DNA com concentração conhecida (DNA *lambda*).

## Reações de PCR (*Polymerase Chain Reaction*)

Após a extração, quantificação e diluição do DNA, foi realizada a amplificação de regiões alvo por PCR com as regiões específicas definidas como potencialmente eficientes para discriminação de espécies. São elas: cloroplastidiais - *matK*, *rbcL*, *psbA-trnH*, *trnL*, e nucleares – PRK, RPB2 e ITS. As seqüências dos *primers* utilizados nas amplificações estão descritas na Tabela 8.

**Tabela 8.** Sequência e referência dos *primers* utilizados nas amplificações por PCR

	Sequência	Referência
<b><i>matK</i></b>	3F_Kim f (5' CGTACAGTACTTTTGTGTTTACGAG 3') 1R_kim r (5' ACCCAGTCCATCTGGAAATCTTGGTTC 3')	SUGITA <i>et al.</i> , 1985; AVRAHAM <i>et al.</i> , 1995
<b><i>rbcL</i></b>	<i>rbcLa_f</i> (5' AGTTCACCACAAACAGAGACTAAAGC 3') <i>rbcLa_r</i> (5' GTAAAATCAAGTCCACCCRCG3')	MORTON <i>et al.</i> , 1993; KRESS & ERICKSON, 2009
<b><i>psbA-trnH</i></b>	<i>psbA</i> (5' CGAAGCTCCATCTACAAATGG 3') <i>trnH</i> (5' ACTGCCTTGATCCACTTGGC 3')	SANG <i>et al.</i> , 1997
<b><i>trnL</i></b>	<i>trnL F</i> (5' CGAAATCGGTAGACGCTACG 3') <i>trnL R</i> (5' GGGGATAGAGGGACTTGAAC 3')	TABERLET <i>et al.</i> , 1991
<b>PRK</b>	prK F (5' GTGATATGGAAGAACGTGG 3') prK R (5' ATCCAGGGTATGAGCAGC 3')	LEWIS & DOYLE, 2002
<b>RPB2</b>	RPB2 F (5' CAACTTATTGAGTGATCATGG 3') RPB2 R (5' CCACGCATCTGATATCCAC 3')	LIU <i>et al.</i> , 1999; RONCAL <i>et al.</i> , 2005
<b>ITS</b>	ITS1 (5' TTCCGTAGGTGAACCTGCGG 3') ITS4 (5' TCCTCCGCTTATTGAIATGC 3')	WHITE <i>et al.</i> , 1990

PCRs das regiões *psbA-trnH*, *matK*, *rbcL* e *trnL*

Para as PCRs dos marcadores *psbA-trnH*, *matK*, *rbcL*, *trnL-trnF*, foi utilizado o seguinte protocolo, por reação: Tampão [(10X Platinum HF com Mg 600mM, Tris-SO<sub>4</sub> (pH 8,9), 180mM (NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>, 20mM MgSO<sub>4</sub>)] na concentração de 1X; dNTPs a 0,2 mM; BSA a de 0,2 mg/mL; *Primers forward* e *reverse* a 0,25 µM cada; O respectivo *primer reverse* na concentração de 0,25 µM; 1U de Taq DNA polimerase, DNA na concentração de 5 ng/µL e água ultrapura. O volume total de

cada reação foi de 15,0 µL. Foi utilizado o seguinte programa no termociclador: um ciclo inicial de 2 min a 95°C, 35 ciclos de 30s a 95°C, 1min na temperatura de anelamento adequada, e 7 min a 72°C, seguidos de um ciclo final de 1min a 72°C. A temperatura de anelamento para cada par de *primer* foi de 52°C para *psbA-trnH* e *rbcL*, 46°C para *matK*, 54°C para *trnL*.

#### PCRs das regiões ITS, RPB2 e PRK

Para as PCRs da região ITS, *RPB2* e *PRK* foi utilizado o seguinte protocolo, por reação: Tampão [(10X Platinum HF com Mg 600mM, Tris-SO<sub>4</sub> (pH 8,9), 180mM (NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>, 20mM MgSO<sub>4</sub>)] na concentração de 1X; dNTPs na concentração de 0,2 mM; BSA na concentração de 0,2 mg/mL; O respectivo *primer forward* na concentração de 1,0 µM; O respectivo *primer reverse* na concentração de 1,0 µM; 1U de Taq polimerase, DNA na concentração de 5 ng/µL; Etilenoglicol na concentração de 6,66% e Trehalose na concentração de 3x10<sup>-3</sup> mM. O volume total de cada reação foi de 15,0 µL. Para o marcador ITS foi utilizado o seguinte programa no termociclador: um ciclo inicial de 2 min a 95°C, 35 ciclos de 20s a 95°C, 30s a 60°C e 1min a 72°C e um ciclo final 7 1min a 72°C. Para o marcador *PRK* foi utilizado o seguinte programa no termociclador: um ciclo inicial de 2 min a 94°C, 35 ciclos de 20s a 94°C, 1min a 56°C e 2min a 72°C e um ciclo final de 7min a 72°C. Para o marcador *RPB2* foi utilizado o seguinte programa no termociclador: um ciclo inicial de 2 min a 94°C, 35 ciclos de 20s a 94°C, 1min a 54°C e 2min a 72°C e um ciclo final de 7min a 72°C.

A eficácia da amplificação foi avaliada em gel de agarose 1%, corado com brometo de etídio e visualizados em transiluminador de luz ultravioleta (UV). O tamanho das sequências amplificadas em pares de base foi averiguado em comparação com marcador *ladder* 1Kb.

#### **Purificação dos produtos de PCR com as enzimas Exonuclease I (EXO I) e Shrimp Alkaline Phosphatase (SAP).**

Foi feita a purificação dos produtos de PCR com um coquetel contendo as enzimas EXO I para digerir o excesso de *primers* e SAP para degradar o excesso de nucleotídeos provenientes da PCR. Cada produto de PCR foi purificado com 2 µL de solução contendo 0,725 µL de Tris (pH 8, 50mM); SAP na concentração de 0,25 U/µL e EXO I na concentração de 0,25 U/µL por 45 min a 37°C, seguido de 20 min a 80°C para inativação das enzimas.

### **Reação de sequenciamento.**

As amplificações das fitas *forward* e *reverse* foram realizadas separadamente conforme o protocolo seguinte para cada reação: Tampão (10X) na concentração de 1,8 X; 0,5 µL de *BigDye* 3.1, (Applied Biosystems); 1,0 µL do produto da purificação com as enzimas Exo I e SAP; um dos *primers* utilizado para fazer a amplificação do gene *barcode* (uma reação com o *primer* do sentido *forward* e outra reação com o *primer* do sentido *reverse*) na concentração de 0,5mM; e água ultrapura. O volume total de cada reação foi de 10,0 µL.

Para as PCRs realizadas com os *primers* de ITS foi utilizado o seguinte programa no termociclador: 96 °C por 1 min, 35 ciclos de 10s a 96°C, 4 min a 60°C. Para as PCRs realizadas com todos os outros *primers* foi utilizado o seguinte programa no termociclador: 96 °C por 1 min, 35 ciclos de 10s a 96°C, 15s a 50°C e 4 min a 60°C.

### **Purificação das reações e sequenciamento.**

Foi utilizado o protocolo de precipitação com etanol/etilenodiaminotetracético (EDTA/Acetato de Sódio) para purificação da PCR. Foram adicionados 2,5 µL de EDTA (125 mM) em cada poço, seguido de *spin*. Então, foram adicionados 30 µL de etanol 100% em cada poço. Os poços foram selados com fita selante. A placa foi invertida cinco vezes para misturar e depois foram deixadas em local escuro por 20 min. A placa foi centrifugada a 2700 xg (r.p.m. máximo) por 30 min, a 4 °C. A fita selante foi removida. Gentilmente o excesso de álcool sobrenadante foi removido por inversão. A placa foi invertida sobre papel absorvente e centrifugada a 180 xg por 10 s para remoção do álcool. Foram adicionados 75 µL de etanol 70% em cada poço. A placa foi centrifugada a 2700 xg por 10 min, a 4 °C. Gentilmente o excesso de álcool sobrenadante foi retirado por inversão. A placa foi invertida sobre papel absorvente e centrifugada a 180 xg por 10 s para remover o álcool. A placa foi levada a um evaporador a vácuo (*Eppendorf dryer*) por 5 min. As amostras foram ressuspensas em 50 µL de solução 0,05 mM de EDTA. A placa foi cuidadosamente submetida a um *vortex*, seguido por um *spin* em uma centrífuga.

Em seguida as amostras foram sequenciadas em analisador automático de DNA ABI 3730 – (Applied Biosystems).

## **Análises das sequências.**

Todas as sequências obtidas foram analisadas, alinhadas e editadas utilizando-se o programa Chromas Pro v1.5, 2003-2009 (Technelysium Pty). Através da análise visual dos eletroferogramas, as sequências de qualidade foram selecionadas e analisadas conjuntamente no programa BioEdit *Sequence Alignment Editor* v7.0.8.0, 1997-2007 (HALL, 1999), através da interface com o programa ClustalW multiple sequence alignment (HIGGINS *et al.*, 1988). Terminais que contribuíram significativamente para eventuais incongruências foram excluídos das análises. As sequências obtidas foram alinhadas com o programa MAFFT versão 7 (*Multiple alignment program for nucleotide sequence*) (KATO & STANDLEY, 2013). O programa Mesquite (V3.01) (MADDISON & MADDISON, 2014) foi utilizado para transformar os dados para o programa MrBayes 3.0 (RONQUIST & HUELSENBECK, 2003), e para o programa PAUP 4.0 (SWOFFORD, 2002).

## **Modelo de Kimura 2-parâmetros (Kimura-2P)**

Análise da probabilidade das substituições nucleotídicas

Utilizando-se o programa MEGA 6.06 (TAMURA *et al.*, 2013), foram calculadas as frequências nucleotídicas, probabilidades de transições e transversões, com cálculos das taxas  $K_1$  (transições/transversões) para purinas e  $K_2$  (transversões/transições). Também foram calculados o número de sítios conservados, o número de sítios variáveis e o número de sítios filogeneticamente informativos.

## **Cálculo das Distâncias Intraespecíficas e Interespecíficas**

Com o programa MEGA 6.06 (TAMURA *et al.*, 2013), utilizando-se o modelo evolutivo Kimura 2 parâmetros (KIMURA, 1980), foram calculadas as distâncias intraespecíficas e interespecíficas das espécies analisadas. A distância intraespecífica foi obtida pela média aritmética das distâncias entre pares de indivíduos dentro de cada espécie. O número de indivíduos por espécie variou nas análises de cada marcador. A diversidade interespecífica foi obtida pela média aritmética das distâncias aos pares entre indivíduos de diferentes espécies. Dessa forma, as divergências interespecíficas foram obtidas pelo cálculo da média aritmética dos valores de distância de todos os

possíveis pares de grupos. Através do programa MEGA 6.06 (TAMURA *et al.*, 2013) foram geradas matrizes de distâncias para as diferentes espécies par a par. A partir dos valores das distâncias, gráficos de distribuição e frequência das variações intraespecíficas e interespecíficas foram construídos no *Microsoft Office Excel* para visualização dos resultados de todos os conjuntos de dados.

### **Construção das árvores de Inferência Bayesiana (IB), Máxima Parcimônia (MP) e Máxima Verossimilhança (MV)**

As árvores foram construídas para os marcadores *matK*, *rbcL*, *trnL*, *psbA-trnH*, ITS e PRK utilizando-se os métodos de Inferência Bayesiana (IB), Máxima Parcimônia (MP) e Máxima Verossimilhança (MV). As árvores de IB foram geradas no programa MrBayes 3.2.6 (RONQUIST & HUELSENBECK, 2003) e visualizadas no programa Fig Tree v1.4.2 (RAMBAUT, 2014). As árvores de Máxima Parcimônia foram geradas no programa PAUP 4.0 (SWOFFORD, 2002) e visualizadas no programa Fig Tree v1.4.2 (RAMBAUT, 2014). As árvores de MV foram construídas utilizando-se o programa MEGA 6.06 (TAMURA *et al.*, 2013), e o melhor modelo de evolução molecular, GTR = General Time Reversible, foi selecionado utilizando-se o programa jModelTest 2.1.9 (POSADA, 2008). O teste de confiança de suporte dos nós das árvores foi o *bootstrap* (FELSENSTEIN, 1985), com 1000 repetições nas árvores de MV e MP, e de probabilidade posterior nas árvores de IB.

## **RESULTADOS**

### **Amplificação e sequenciamento das amostras de *Attalea*.**

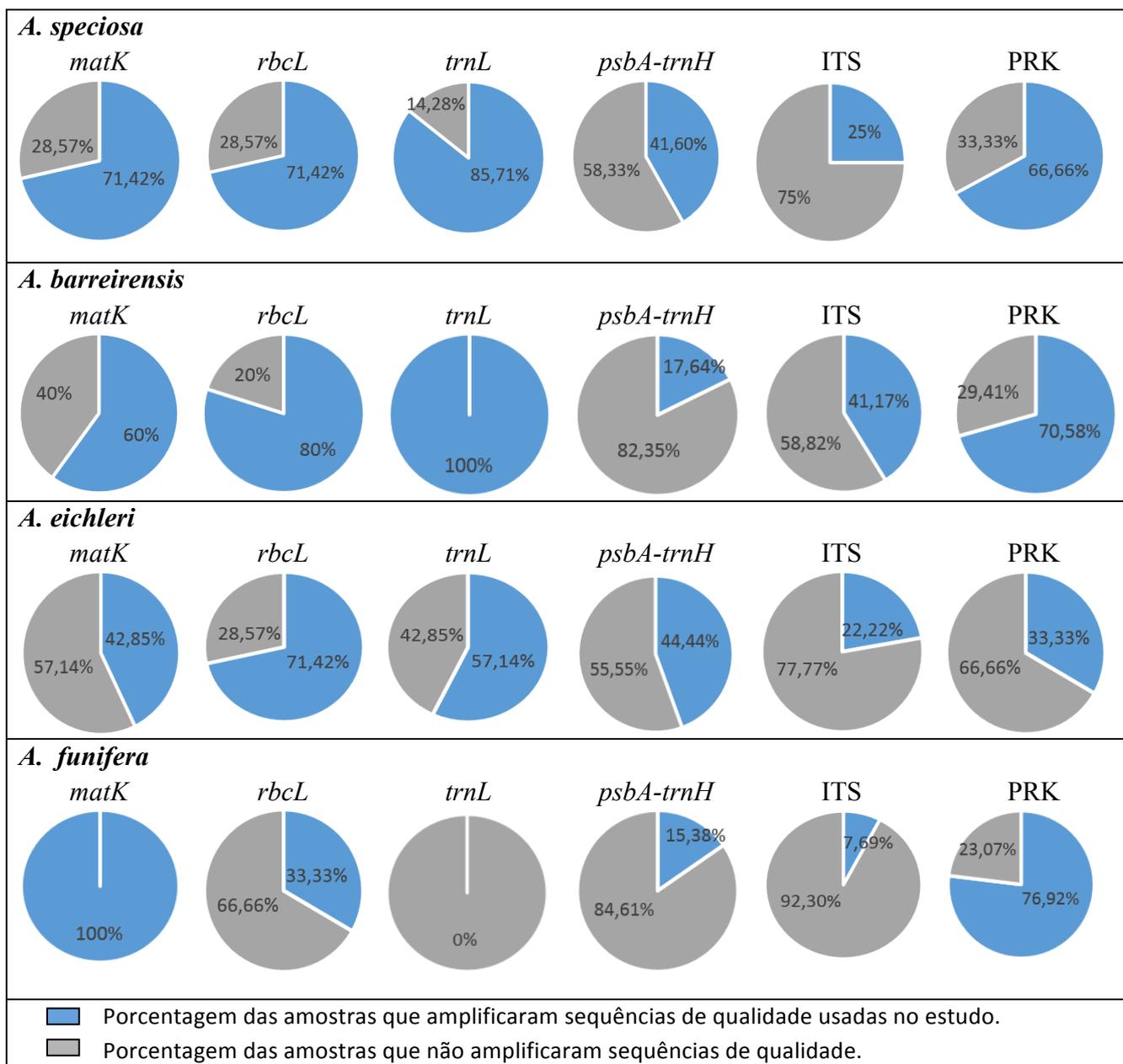
Primeiramente foram realizadas PCRs e reações de sequenciamento com quatro amostras de cada espécie, além das dez amostras de herbário. O *primer* RPB2 não apresentou amplificação com nenhuma amostra em todas as espécies. Os primers *matK*, *rbcL*, *trnL*, *psbA-trnH*, PRK e ITS funcionaram para várias amostras, e a partir destas sequências, foram geradas árvores Bayesianas. Estas árvores foram analisadas quanto à eficácia na diferenciação das espécies. As regiões *matK*, *rbcL* *trnL* não apresentaram poder discriminatório eficiente. Em decorrência disso, não foram feitas novas amplificações com as demais amostras das sete espécies para estes três *locos*. As árvores geradas para os *primers* *psbA-trnH*, PRK e ITS

apresentaram potencial de discriminação interespecífico, por esta razão, foram realizadas novas PCRs com o número total de amostras que variou entre 16 e 20 por espécie.

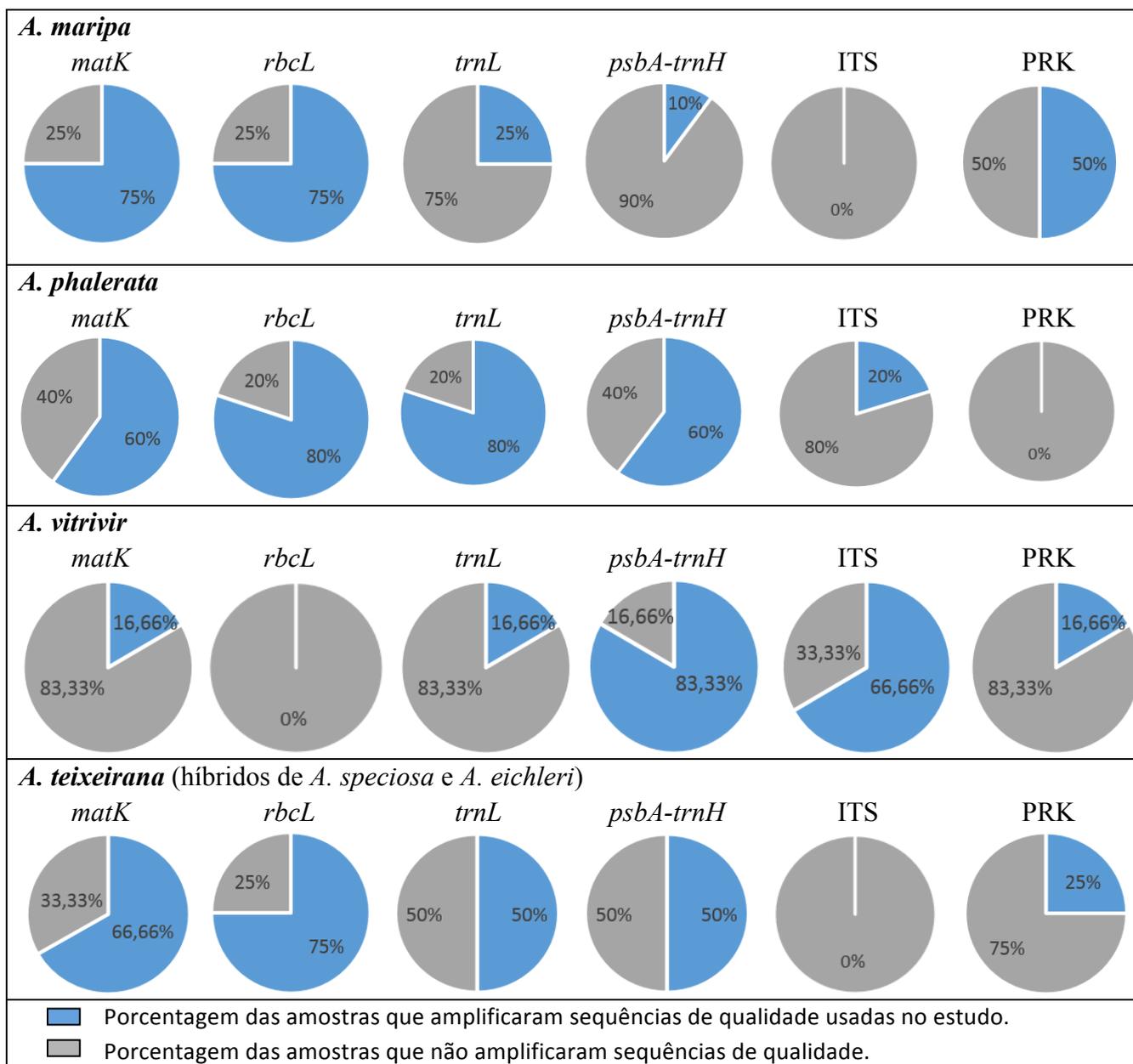
A taxa de sucesso das amplificações e sequenciamento das amostras de *Attalea* foi abaixo do esperado, mesmo após tentativas de otimização de protocolos, principalmente com os *primers* que apresentaram potencial para *barcode*. Foram realizadas três extrações de DNA, sendo testado um protocolo de sorbitol (RUSSEL *et al.*, 2010; SOUZA *et al.*, 2012). A extração com sorbitol não melhorou o resultado das amplificações. As reações de PCR e sequenciamento foram repetidas duas vezes para os marcadores *matK*, *rbcL* e *trnL* e sete vezes para os marcadores *psbA-trnH*, ITS, PRK e RPB2. Essas repetições foram realizadas com diferentes amostras de diluição dos reagentes, com o objetivo de agregar o maior número amostral das espécies nas análises.

As amostras de *Attalea teixeirana* foram agregadas ao trabalho. Para isso, foram realizadas PCRs e reações de sequenciamento com 13 amostras e os seis locos que apresentaram amplificação anteriormente. Além disso, nestas reações foram acrescentadas duas amostras de *A. speciosa* e duas amostras de *A. eichleri* que foram coletadas juntamente com as amostras dos híbridos.

Poucas amostras foram agregadas nas árvores finais. A eficácia das amplificações foi calculada em porcentagem e está demonstrada na Figura 18. A quantidade de amostras das espécies de *Attalea* que obtiveram amplificações de alta qualidade foi insatisfatória. Em PCRs realizadas com os marcador nuclear ITS muitas vezes, ao examinar-se o gel de agarose, a amplificação foi tida como bem sucedida. No entanto, ao realizar-se o sequenciamento, observaram-se sequências que, ao serem comparadas no *GenBank* foram identificadas como DNA de fungos.



**Figura 18.** Eficácia da amplificação das sequências por marcador utilizado para as espécies *A. speciosa*, *A. barreirensis*, *A. eichleri* e *A. funifera*.



**Figura 18 (continuação).** Eficácia da amplificação das seqüências por marcador utilizado para as espécies *A. maripa*, *A. phalerata*, *A. vitrivir* e *A. teixeirana*.

As seqüências geradas com todas as amostras analisadas para cada marcador utilizado podem ser observadas no anexo V (páginas 121-149).

## Frequências nucleotídicas.

As frequências nucleotídicas, por marcador *barcode*, estão relacionadas na Tabela 9. A quantidade de bases púricas, bases pirimídicas, transições, transversões, a razão das taxas de transições/transversões, a razão das taxas de transversões/transições com seus respectivos valores de viés, estão relacionados na Tabela 10. O número total de bases das sequências por marcador, de sítios conservados, de sítios variáveis e de sítios filogeneticamente informativos por marcador estão relacionados na Tabela 11. A probabilidade de substituições nucleotídicas em valores percentuais, calculadas para todas as amostras por loco de acordo com o modelo de substituição de Tamura-Nei (2004), indicando as taxas de transições e transversões estão indicados na Tabela 12.

**Tabela 9.** Porcentagem de bases das sequências analisadas por marcador utilizado. Cálculos realizados no programa MEGA 6.06.

	A	T	C	G
<i>matK</i>	35,85%	29,56%	16,28%	18,31%
<i>rbcL</i>	27,37%	29,00%	21,65%	21,62%
<i>trnL</i>	37,92%	27,36%	15,59%	19,12%
<i>psbA-trnH</i>	28,37%	39,39%	14,95%	17,29%
ITS	19,77%	11,80%	32,79%	35,64%
PRK	32,47%	30,13%	16,69%	20,70%

**Tabela 10.** Porcentagem de bases púricas, bases pirimídicas, transições, transversões. Razão das taxas de transições/transversões, das taxas de transversões/transições por marcadores com seus respectivos valores de viés. Cálculos realizados no programa MEGA 6.06.

	Purinas	Pirimidinas	Transições	Transversões	$k_1$ purinas	$k_2$ pirimidinas	Viés
<i>matK</i>	54,16%	45,84%	74,19%	25,8%	10,614	0	2,806
<i>rbcL</i>	48,99%	50,65%	20,42%	79,58%	0	1,013	0,254
<i>trnL</i>	57,04%	42,95%	75,96%	24,04%	4,69	8,495	2,867
<i>psbA-trnH</i>	45,66%	54,34%	34,48%	65,56%	1,383	0,774	0,457
ITS	55,41%	44,59%	73,29%	26,71%	5,74	5,177	2,448
PRK	53,17%	46,82%	78,85%	21,14%	7,714	7,781	3,509

**Tabela 11.** Número total de bases das sequências por marcador. Número total de sítios conservados, de sítios variáveis e de sítios filogeneticamente informativos por marcador. Cálculos realizados no programa MEGA 6.06.

	Total de bases	Sítios conservados	Sítios variáveis	Sítios filogeneticamente informativos
<i>matK</i>	566	559	6	2
<i>rbcL</i>	490	481	5	0
<i>trnL</i>	469	455	7	1
<i>psbA-trnH</i>	446	503	29	7
ITS	340	246	65	27
PRK	531	438	85	31

**Tabela 12.** Probabilidade de substituições nucleotídicas, em valores percentuais, calculadas para todas as amostras, por loco, de acordo com o modelo de substituição de Tamura-Nei (2004). Valores em negrito indicam transições, em itálico transversões, cálculos realizados no programa MEGA 6.06.

		A	T	C	G
<i>matK</i>	A	-	3,81	2,1	<b>25,08</b>
	T	4,63	-	<b>0</b>	2,36
	C	4,63	<b>0</b>	-	2,36
	G	<b>49,11</b>	3,81	2,1	-
<i>rbcL</i>	A	-	11,54	8,61	<b>0</b>
	T	11,03	-	<b>8,73</b>	8,61
	C	11,03	<b>11,69</b>	-	8,61
	G	<b>0</b>	11,54	8,61	-
<i>trnL</i>	A	-	3,29	1,87	<b>10,77</b>
	T	4,56	-	<b>15,91</b>	2,3
	C	4,56	<b>27,92</b>	-	2,3
	G	<b>21,36</b>	3,29	1,87	-
<i>psbA-trnH</i>	A	-	12,91	4,9	<b>7,84</b>
	T	9,3	-	<b>3,79</b>	5,67
	C	9,3	<b>9,99</b>	-	5,67
	G	<b>12,86</b>	12,91	4,9	-
ITS	A	-	1,58	4,38	<b>27,31</b>
	T	2,64	-	<b>22,67</b>	4,76
	C	2,64	<b>8,16</b>	-	4,76
	G	<b>15,15</b>	1,58	4,38	-
PRK	A	-	3,19	1,76	<b>15,7</b>
	T	3,43	-	<b>13,73</b>	2,19
	C	3,43	<b>24,79</b>	-	2,19
	G	<b>24,63</b>	3,19	1,76	-

### Cálculo das distâncias Intraespecíficas e Interespecíficas.

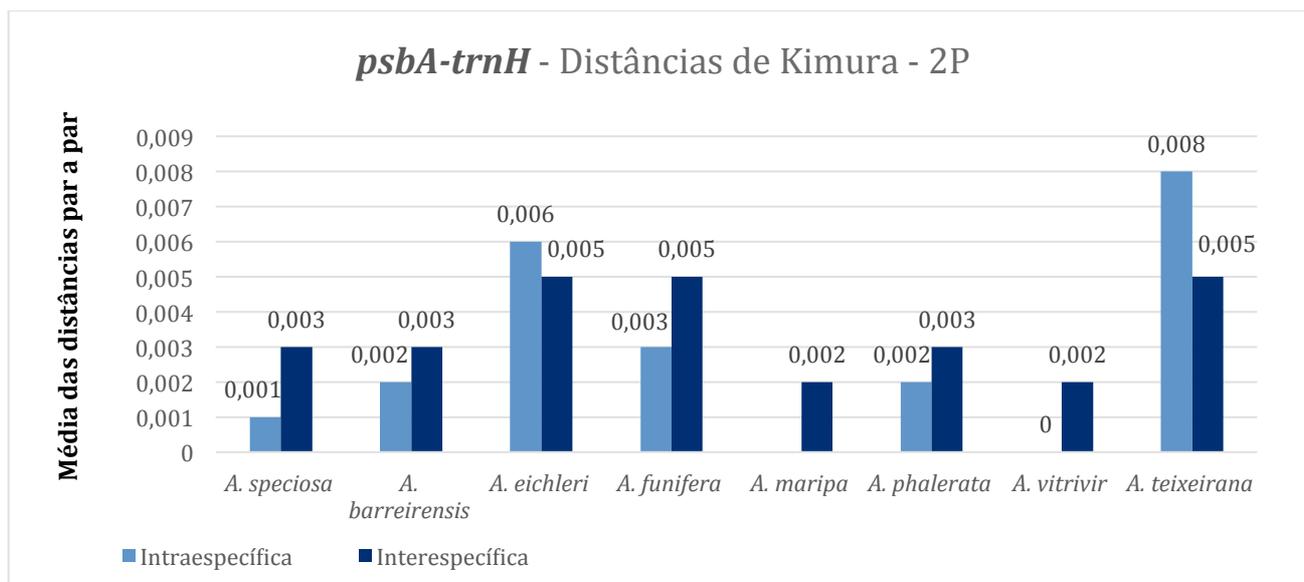
As matrizes das distâncias genéticas K2P para os marcadores *matK*, *rbcL*, *trnL*, *psbA-trnH*, PRK e ITS podem ser visualizadas no Anexo III (páginas 96-109). Somente os marcadores *psbA-trnH*, ITS e PRK apresentaram média dos valores das distâncias interespecíficas diferentes de zero (Tabela 13). Nestes três marcadores, as médias interespecíficas encontradas foram maiores que as médias intraespecíficas. Apesar da média das distâncias intraespecíficas e interespecíficas do marcador *psbA-trnH* terem sido próximas a zero, foram gerados para este marcador gráficos de distância, devido a ser o único marcador plastidial que mostrou a formação de clados nas árvores Bayesianas.

**Tabela 13.** Médias das distâncias par a par das amostras de *Attalea* e *Cocos nucifera* (outgroup).

	Intraespecífica	Interespecífica	Com outro Gênero ( <i>Cocos nucifera</i> )
<i>matK</i>	0,000	0,000	0,01
<i>rbcL</i>	0,000	0,000	0,00
<i>trnL</i>	0,000	0,000	0,00
<i>psbA-trnH</i>	0,003	0,0035	0,02
ITS	0,003	0,068	0,22
PRK	0,003	0,020	0,06

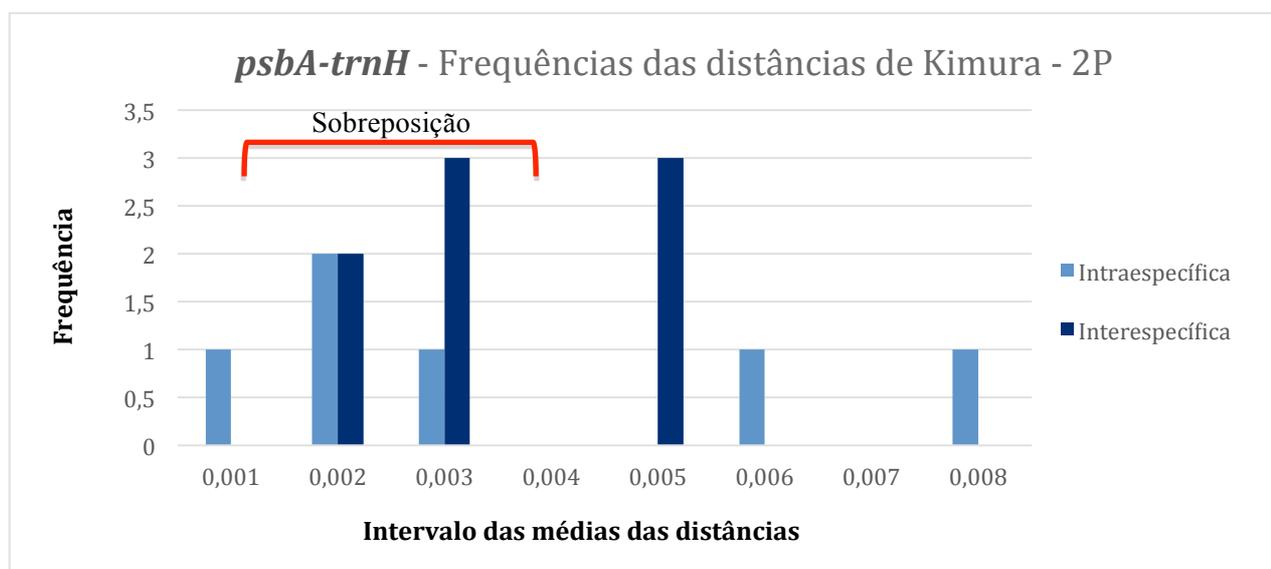
#### *psbA-trnH*

As estimativas de distâncias par a par entre as sequências de *Attalea* geradas para o marcador *psbA-trnH* está no Anexo III, Tabela 20 (Páginas 103-104). As distâncias genéticas médias intraespecíficas variaram de 0 a 0,006, e as distâncias genéticas médias interespecíficas variaram de 0 a 0,008 (Figura 19). As distâncias par a par intraespecíficas geradas com o marcador *psbA-trnH* para a espécie *A. maripa* não foi calculada devido a análise só apresentar um exemplar desta espécie. A distância K2P intraespecífica média foi de 0,003. A distância K2P interespecífica média foi de 0,0035. É possível observar que para as espécies *A. eichleri* e *A. teixeirana*, as médias das distâncias intraespecíficas foram maiores que a média das distâncias interespecíficas (Figura 20).



**Figura 19.** Distâncias médias K2P intraespecíficas e interespecíficas por espécie de *Attalea* para o marcador *psbA-trnH*.

Na distribuição das frequências das distâncias K2P para o marcador *psbA-trnH* observa-se uma sobreposição de valores nos intervalos 0,002 e 0,003 (Figura 20).

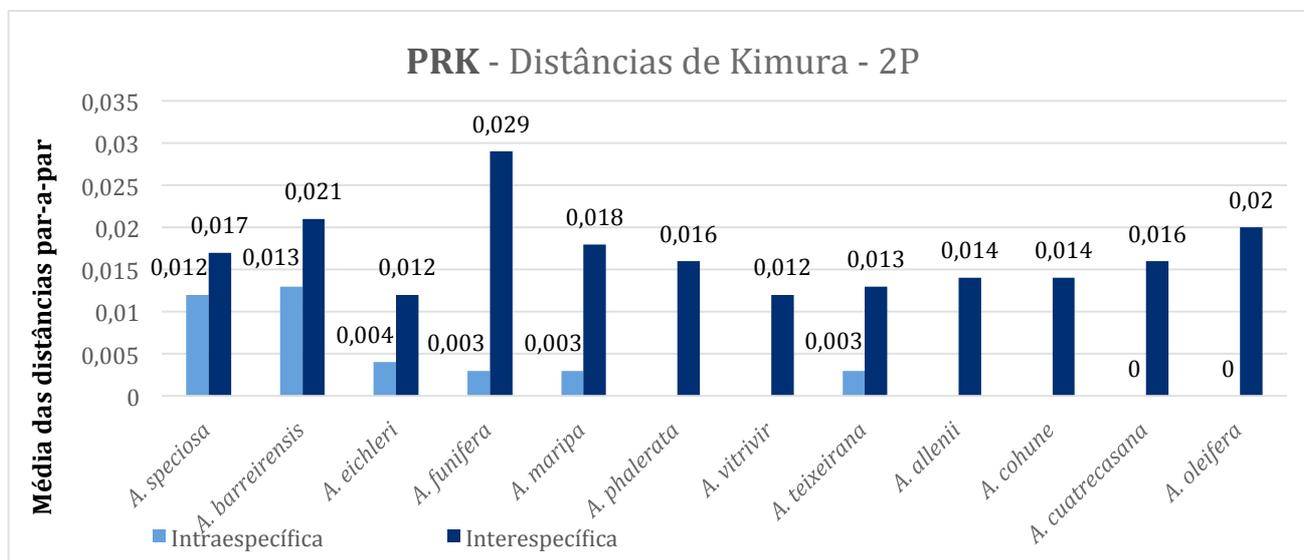


**Figura 20.** Distribuição das frequências das distâncias médias K2P intraespecíficas e interespecíficas para o marcador *psbA-trnH*.

### PRK

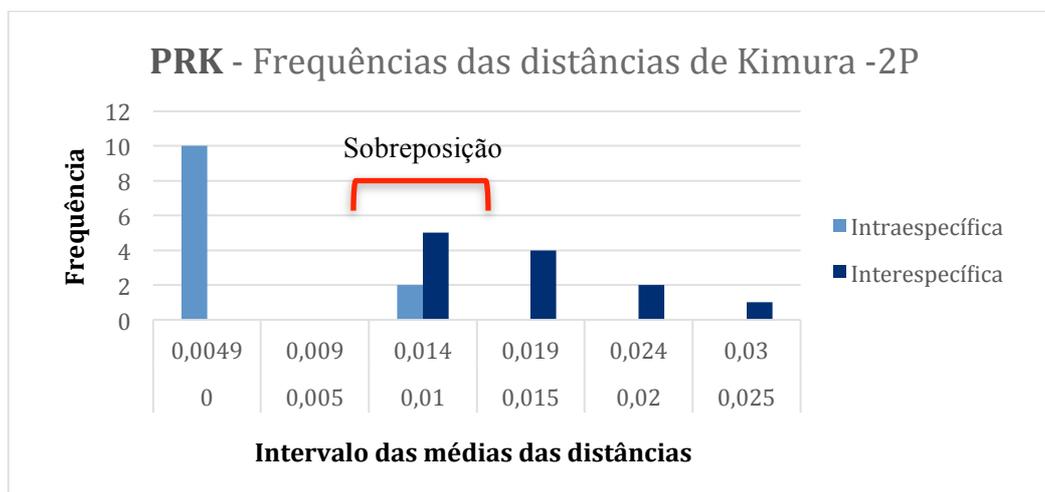
As estimativas de distâncias par a par entre as sequências de *Attalea* geradas para o marcador PRK, está no Anexo III, Tabela 22 (páginas 106-109). As distâncias genéticas médias intraespecíficas variaram de 0 a 0,003, e as distâncias genéticas médias interespecíficas variaram de 0 a 0,029 (Figura 21). As distâncias par a par intraespecíficas geradas com o marcador PRK para as espécies *A. vitrivir*, *A. phalerata*, *A. allenii*, *A. cuatrecasana*, *A. cohune* e *A. oleifera* não foram

calculadas devido a análise só apresentar um exemplar de cada uma destas espécies. A distância K2P intraespecífica média foi de 0,003. A distância 2P interespecífica média foi de 0,02. É possível observar que para todas as espécies, as médias das distâncias intraespecíficas foi menor que a média das distâncias interespecíficas (Figura 22).



**Figura 21.** Distâncias médias K2P intraespecíficas e interespecíficas por espécies de *Attalea* para o marcador PRK.

Na distribuição das frequências das distâncias K2P para o marcador PRK observa-se uma sobreposição de valores no intervalo 0,01 a 0,014 (Figura 22).

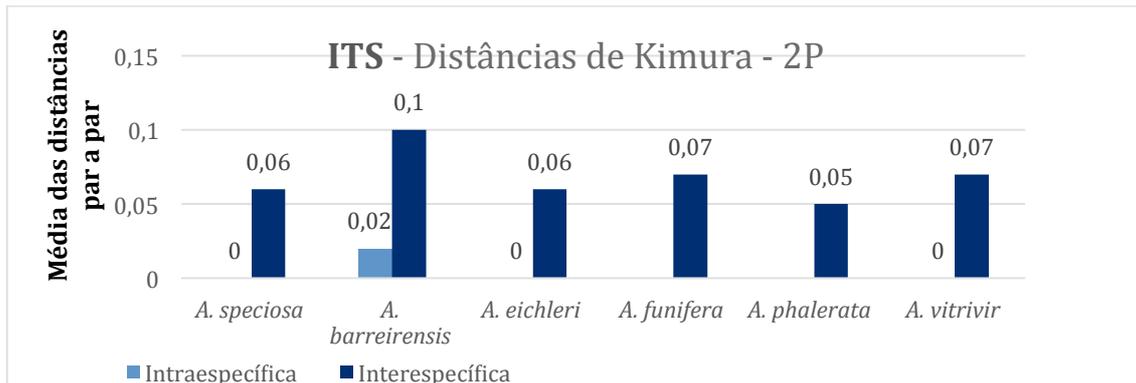


**Figura 22.** Distribuição das frequências das distâncias médias K2P intraespecíficas e interespecíficas para o marcador PRK.

### ITS

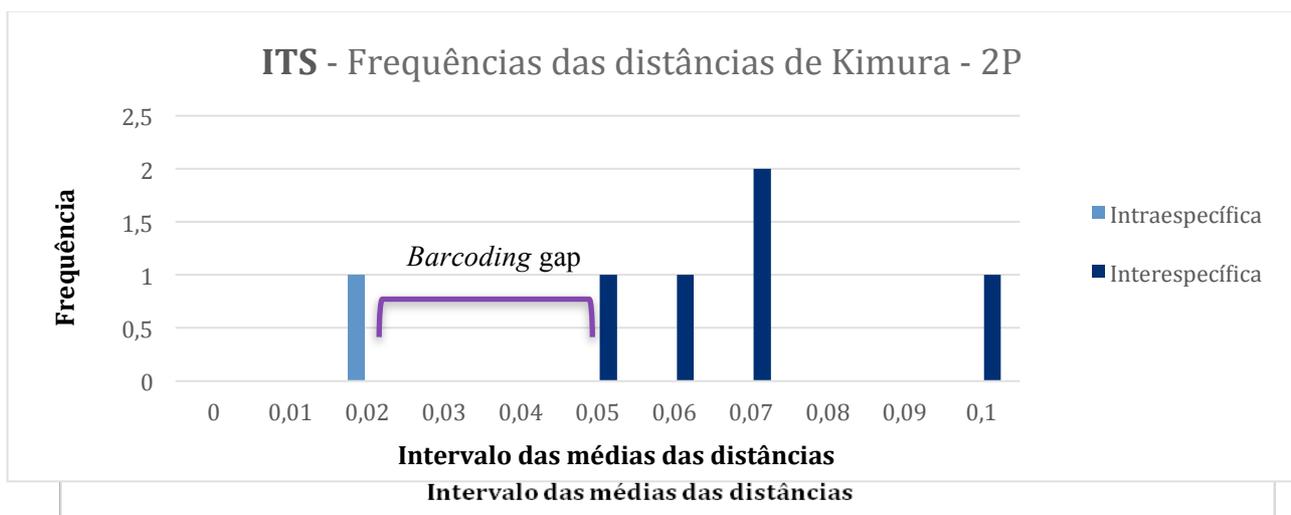
As estimativas de distâncias par a par entre as sequências de *Attalea* geradas para o marcador ITS, está no Anexo III, Tabela 21 (página 105). As distâncias genéticas médias intraespecíficas

variaram de 0 a 0,02 e as distâncias genéticas médias interespecíficas variaram de 0,05 a 0,1 (Figura 23). As distâncias intraespecíficas para as espécies A distância K2P intraespecífica média foi de 0,003. As distâncias par a par intraespecíficas geradas com o marcador ITS para as espécies *A. funifera* e *A. phalerata* não foram calculadas devido a análise só apresentar um exemplar de cada uma destas espécies. A distância K2P interespecífica média foi de 0,068. É possível observar que para todas as espécies, as médias das distâncias intraespecíficas foi menor que a média das distâncias interespecíficas (Figura 24).



**Figura 23.** Distribuição das frequências das distâncias médias K2P intraespecíficas e interespecíficas para o marcador ITS.

Na distribuição das frequências das distâncias K2P para o marcador ITS observa-se um intervalo entre a maior frequência de valor médio de distâncias intraespecíficas e a menor frequência de valores médios de distâncias interespecíficas - intervalo de 0,02 a 0,05 (Figura 24). Este intervalo, chamado *barcoding gap*, apresentou-se somente no marcador ITS.



**Figura 24.** Distribuição das frequências das distâncias médias K2P intraespecíficas e interespecíficas para o marcador ITS.

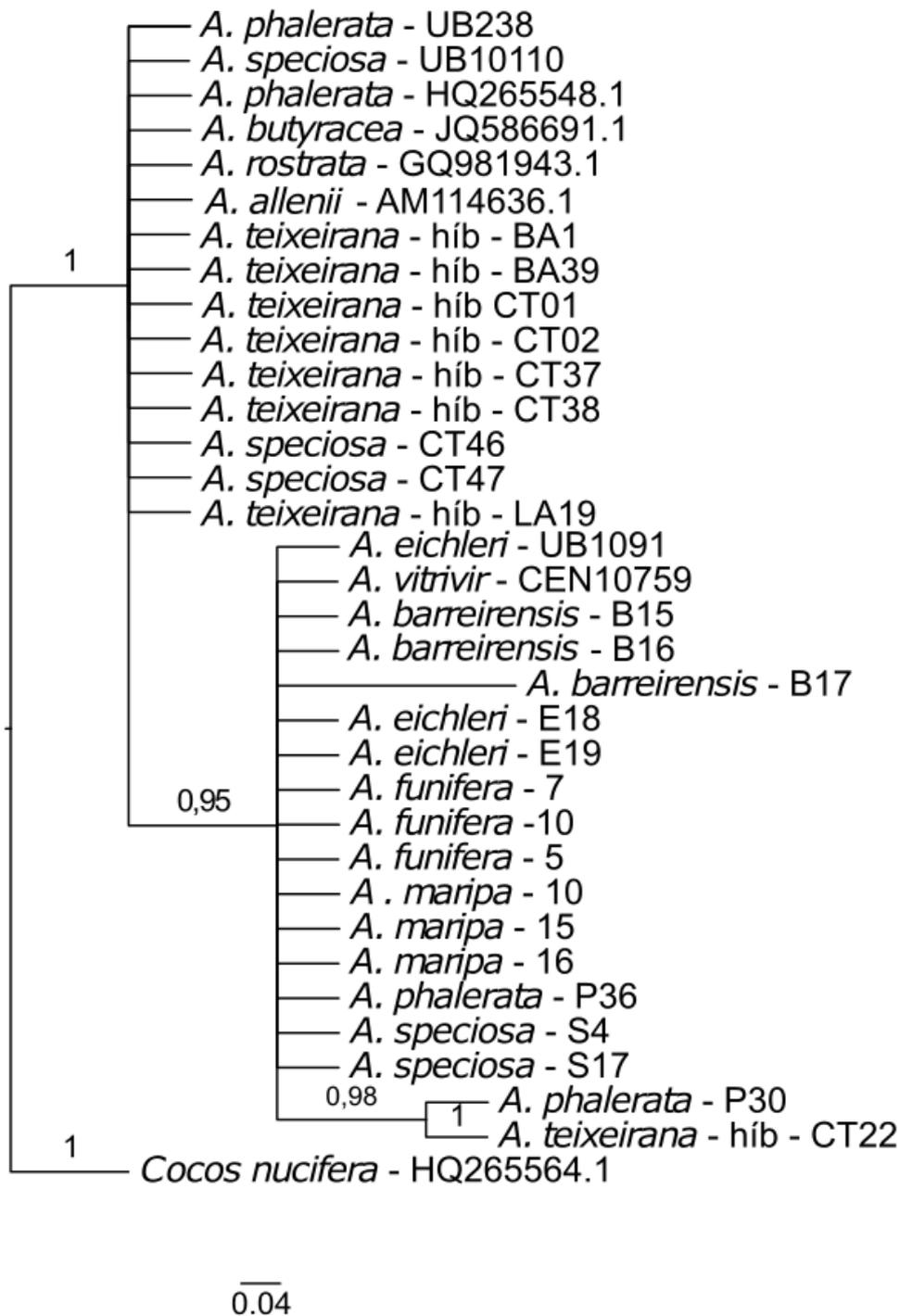
## Análise Bayesiana

Nas árvores geradas por IB com os primers *matK*, *rbcL* e *trnL* observa-se que as diferentes amostras de *Attalea* não foram agrupadas de forma a separar as espécies (Figuras 25, 26 e 27). A árvore de IB gerada a partir do marcador *psbA-trnH* separou as espécies *A. funifera* e *A. phalerata* (colchete azul, Figura 28), no entanto, uma amostra de herbário de *A. phalerata* está localizada fora deste clado (colchete vermelho, Figura 28). As demais espécies avaliadas incluindo todos os híbridos agruparam-se.

Na árvore de IB gerada para o marcador ITS observa-se um clado significativo com todas as amostras de *A. barreirensis* e a única amostra de *A. funifera* que amplificou (colchete azul, Figura 29). As espécies *A. speciosa*, *A. eichleri* e *A. vitrivir* agruparam-se em um clado único (colchete vermelho, Figura 29). A única amostra de *A. phalerata* que amplificou foi separado em um clado significativo (colchete verde, Figura 29).

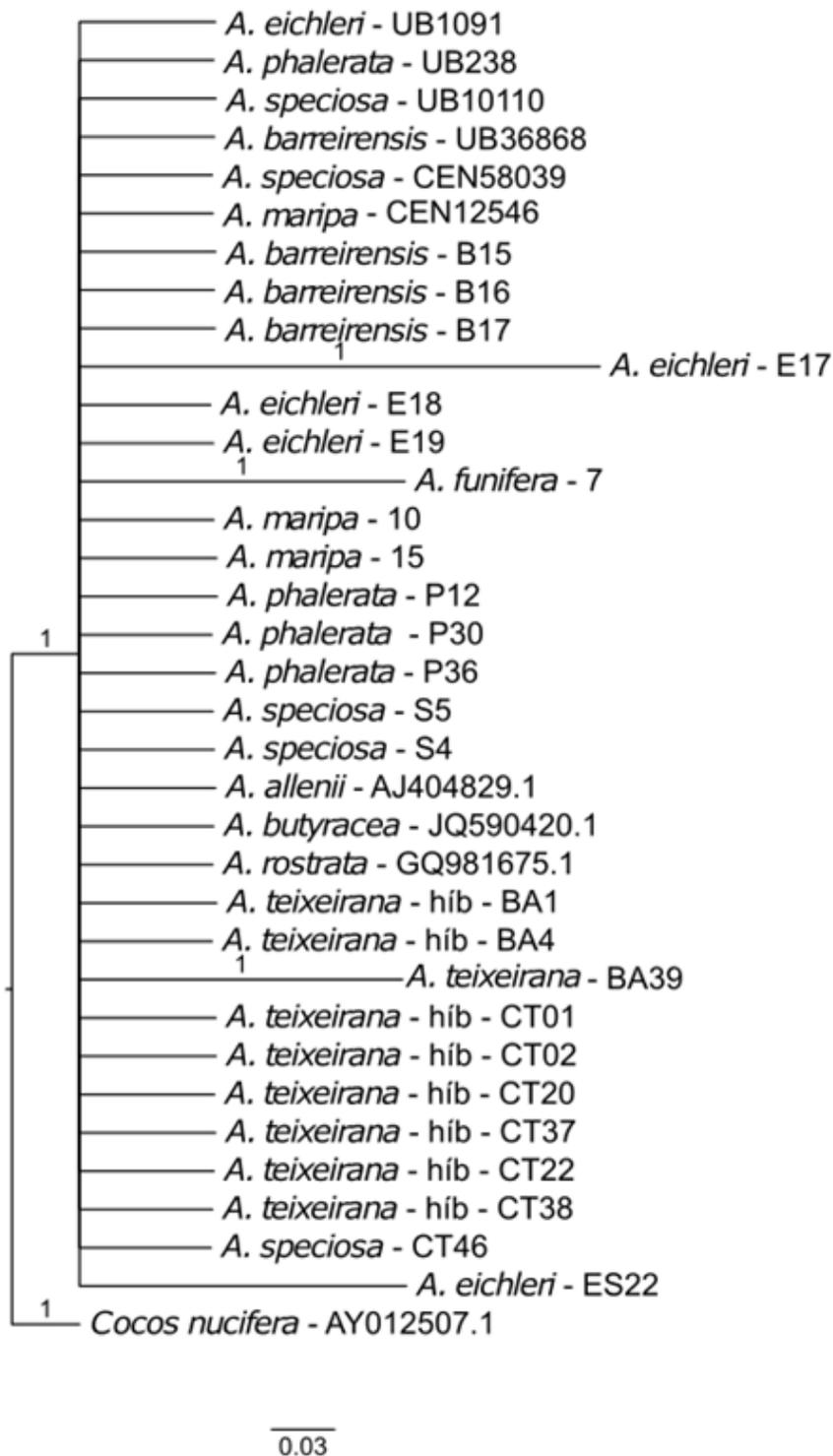
Na árvore de IB gerada para o marcador PRK observa-se uma separação muito clara de um clado com significância para a espécie *A. funifera* (colchete azul, Figura 30). Um clado significativo foi formado com todas as amostras de *A. maripa* (colchete vermelho, Figura 30). As amostras de *A. barreirensis* se dividiram em dois cladros (colchete verde e amarelo, Figura 30). Observa-se também que o primeiro clado de *A. barreirensis* se agrupa, com baixa significância, com o clado de *A. maripa* (colchetes verde e vermelho, Figura 30).

*matK* - IB



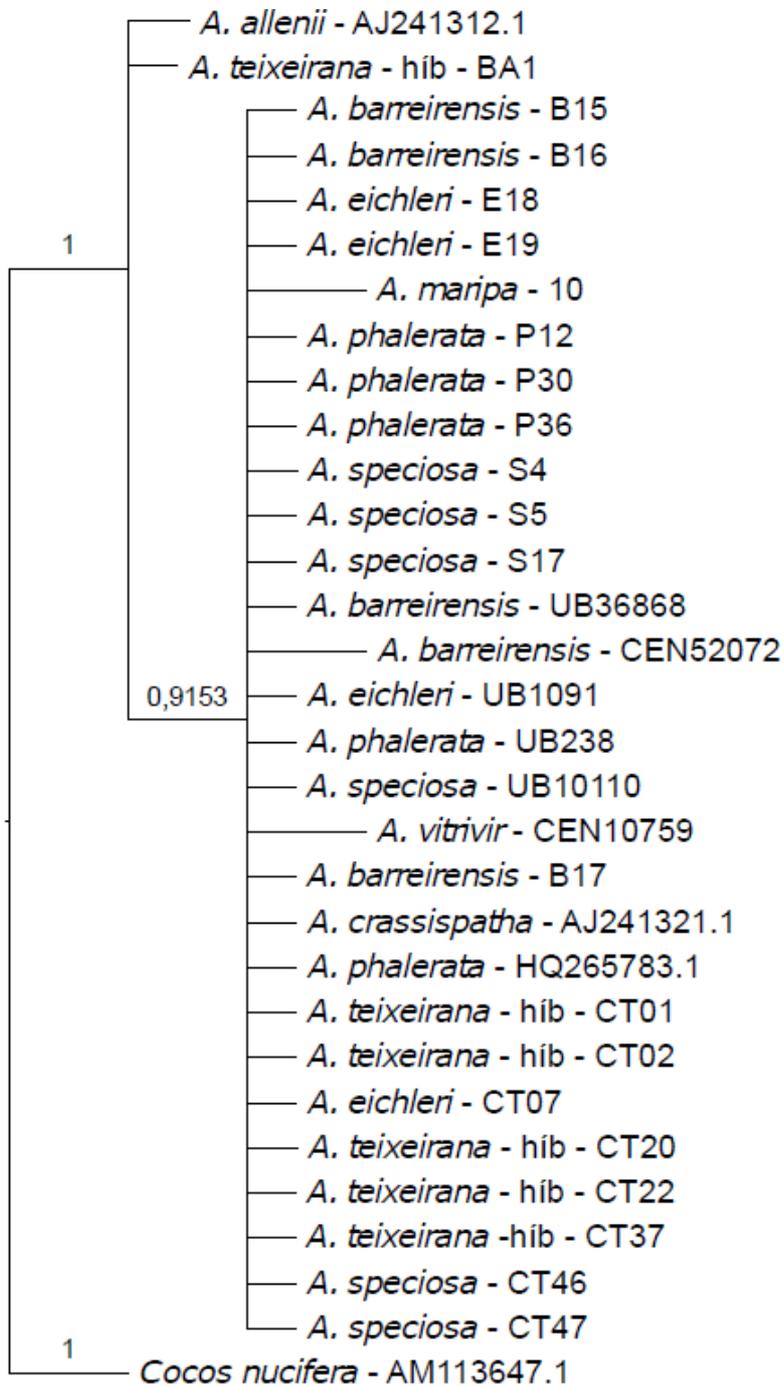
**Figura 25.** Árvore filogenética de Inferência Bayesiana gerada a partir de sequências do gene *matK*, mostrando relações entre algumas espécies do gênero *Attalea*. Todos os valores de probabilidade posterior foram significativos (maiores que 90%). *Cocos nucifera* (HQ265564.1) foi utilizado como *outgroup*.

*rbcL*- IB



**Figura 26.** Árvore filogenética de Inferência Bayesiana gerada a partir de sequências do gene *rbcL*, mostrando relações entre algumas espécies do gênero *Attalea*. Todos os valores de probabilidade posterior foram significativos (maiores que 90%). *Cocos nucifera* (AY012507.1) foi utilizado como *outgroup*.

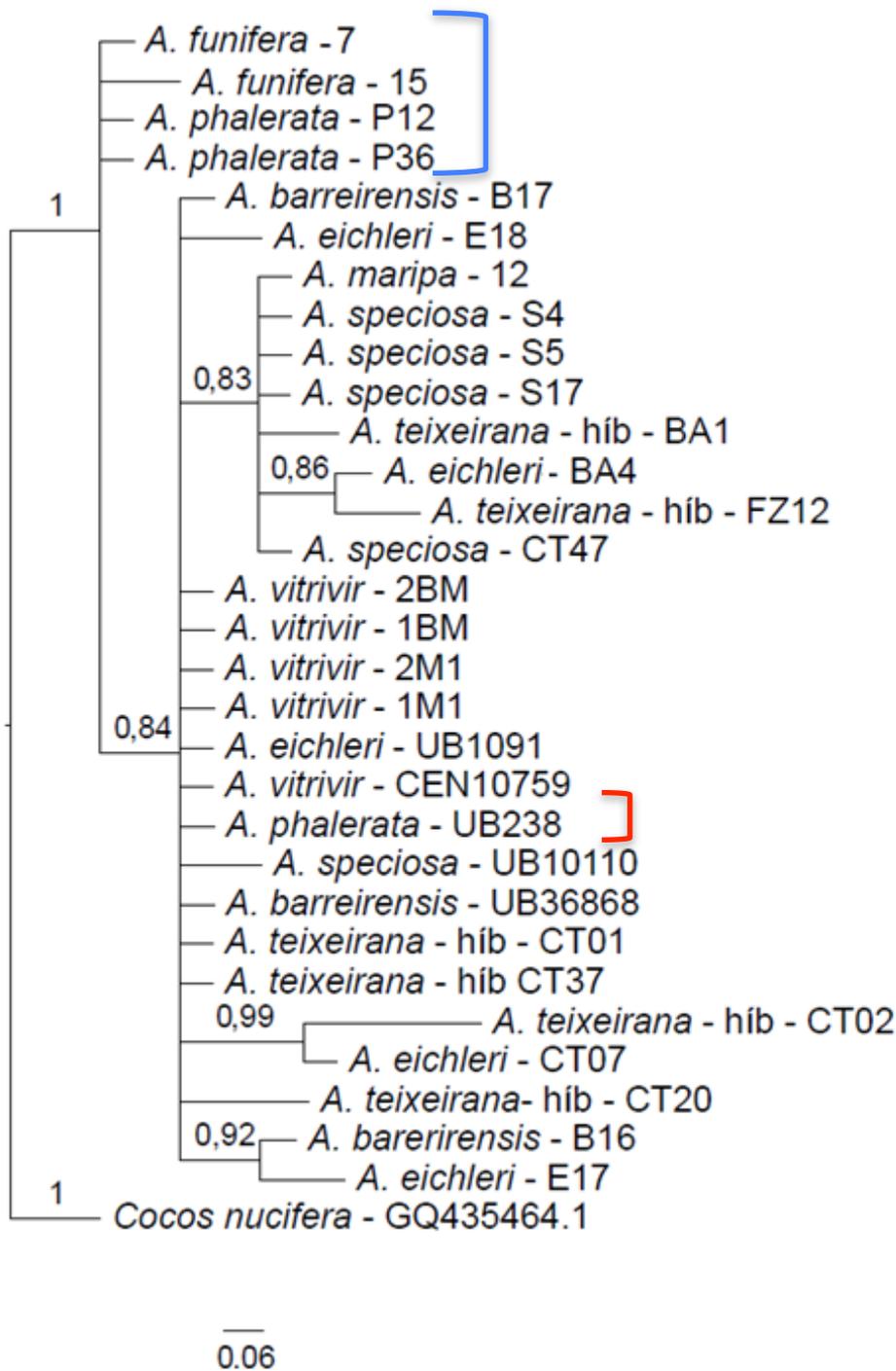
*trnL*- IB



0.05

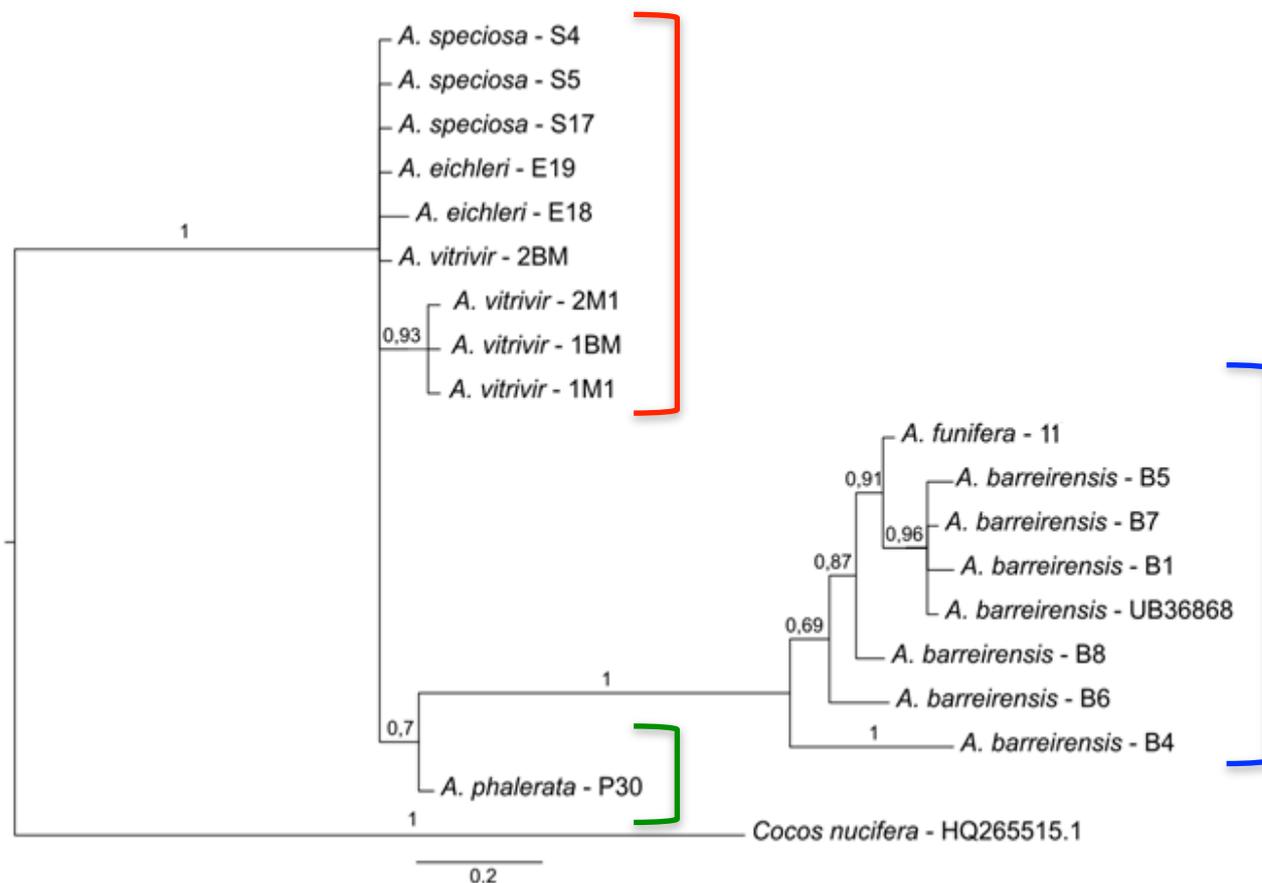
**Figura 27.** Árvore filogenética de Inferência Bayesiana gerada a partir de sequências do gene *trnL*, mostrando relações entre algumas espécies do gênero *Attalea*. Todos os valores de probabilidade posterior foram significativos (maiores que 90%). *Cocos nucifera* (AM113647.1) foi utilizado como *outgroup*.

*psbA-trnH*- IB



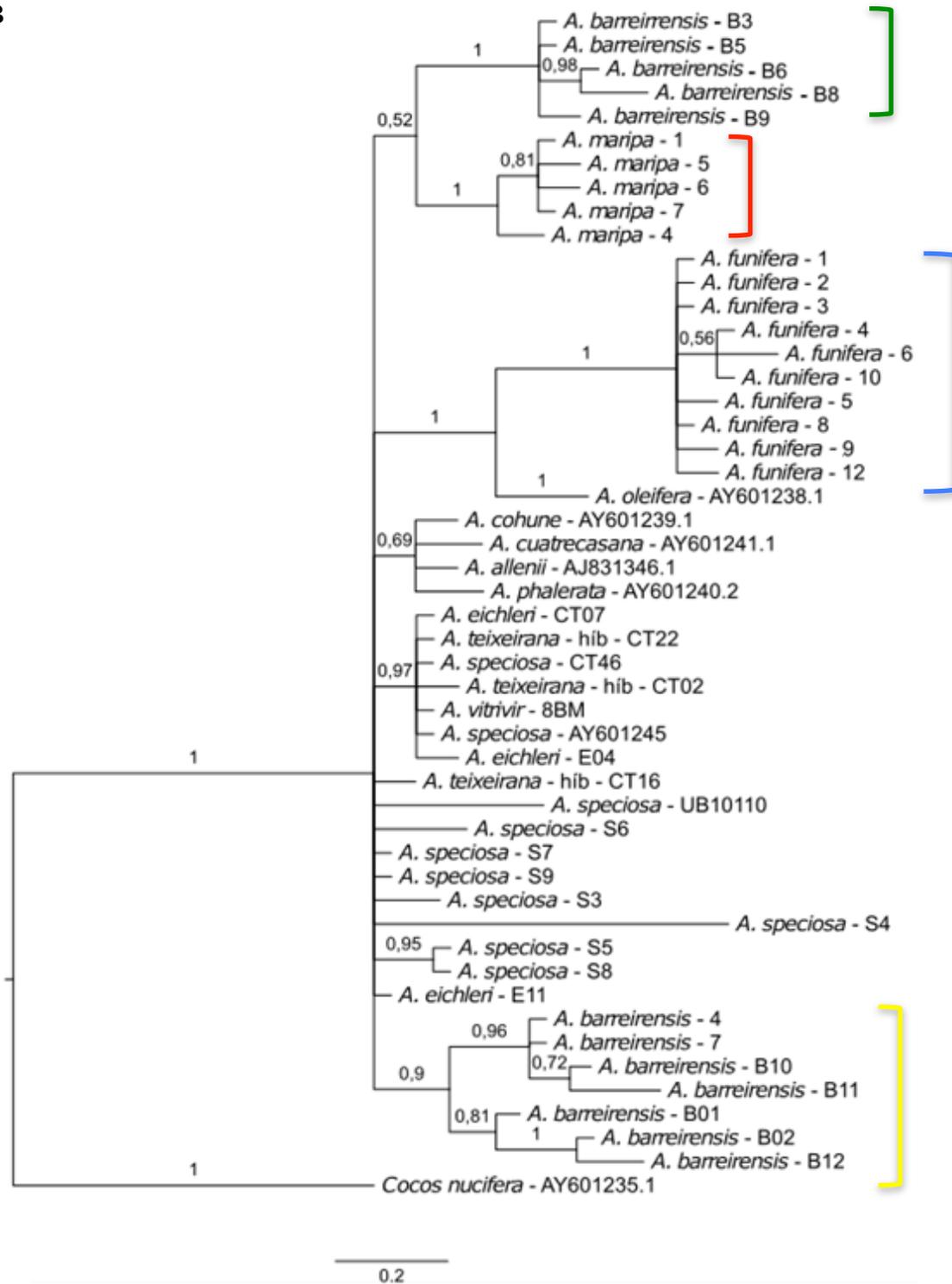
**Figura 28.** Árvore filogenética de Inferência Bayesiana gerada a partir de sequências do gene *psbA-trnH*, mostrando relações entre algumas espécies do gênero *Attalea*. Todos os valores de probabilidade posterior foram significativos (maiores que 90%). O colchete azul destaca o clado com as espécies *A. funifera* e *A. phalerata*. O colchete vermelho destaca uma amostra de *A. phalerata* de herbário. *Cocos nucifera* (GQ435464.1) foi utilizado como *outgroup*.

## ITS - IB



**Figura 29.** Árvore filogenética de Inferência Bayesiana gerada a partir de sequências do gene ITS, mostrando relações entre algumas espécies do gênero *Attalea*. A maioria dos valores da probabilidade posterior foram significativos (maiores que 90%) O colchete vermelho destaca o clado com as espécies *A. speciosa*, *A. eichleri* e *A. vitrivir*. O colchete azul destaca o clado com as espécies *A. funifera* e *A. barreirensis*. O colchete verde destaca o clado com a espécie *A. phalerata*. *Cocos nucifera* (HQ265515.1) foi utilizado como *outgroup*.

PRK - IB



**Figura 30.** Árvore filogenética de Inferência Bayesiana gerada a partir de sequências do gene PRK, mostrando relações entre algumas espécies do gênero *Attalea*. A maioria dos valores da probabilidade posterior foram significativos (maiores que 90%). O colchete vermelho destaca o clado com a espécie *A. maripa*. O colchete azul destaca o clado com a espécie *A. funifera*. Os colchetes verde e amarelo destacam os clados com a espécie *A. barreirensis*. *Cocos nucifera* (AY601235.1) foi utilizado como *outgroup*.

## Análise por Máxima Parcimônia

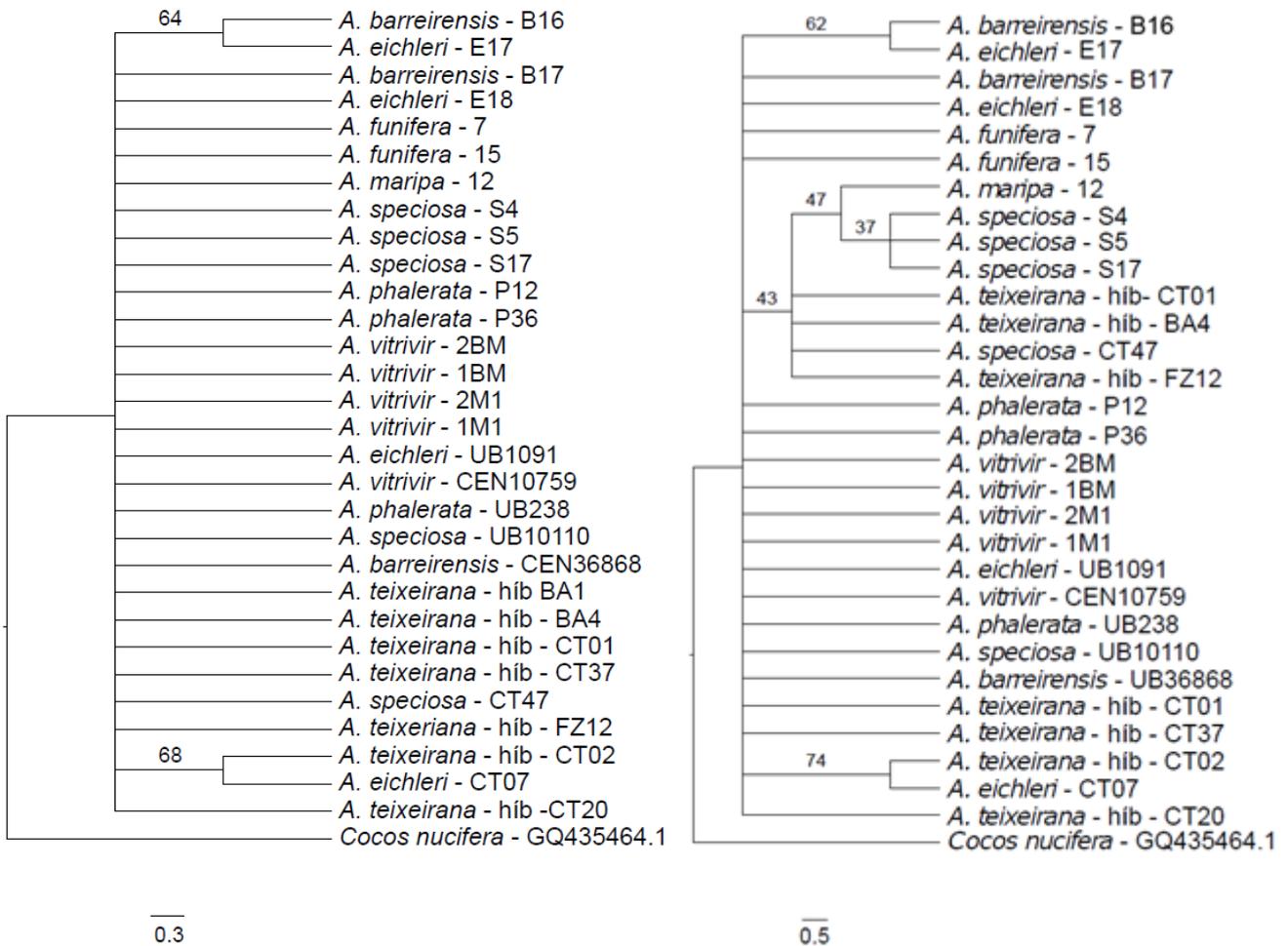
As árvores de MP não apresentaram agrupamentos com diferenças significativas das árvores de IB. As árvores geradas podem ser observadas no anexo IV (páginas 110-120). Estas árvores foram analisadas e geraram características conforme apresentado na tabela 14.

O marcador *psbA-trnH* apresentou uma região com grande presença de inserções e deleções, o que gerou um grande número de *gaps* na análise final (Anexo V, página 140). As amostras retiradas do *GenBank*, *A. speciosa* (KC924916. 1) e *A. phalerata* (KC924913. 1), apresentaram porção terminal de suas sequências justamente nesta região, como não é possível determinar quais são as bases que antecedem a porção terminal destas amostras, elas foram excluídas na construção das árvores. A matriz *psbA-trnH* alinhada mostrou-se rica em indels potencialmente informativos, os quais foram codificados e acrescentados à matriz de dados utilizando-se o programa Fastgap 1.2 (BORCHSENIUS, 2009). Foi gerada uma nova árvore para fins de comparação. Na árvore em que os *indels* foram codificados, apesar de terem sido formados novos clados, não ocorreram separações cladísticas importantes das espécies analisadas (Figura 31).

**Tabela 14.** Sumário das características das sequências e das estatísticas das árvores (análises de máxima parcimônia).

	<i>matK</i>	<i>rbcL</i>	<i>trnL</i>	<i>psbA-trnH</i> (com gaps)	<i>psbA-trnH</i> (sem gaps)	PRK	ITS
Características das sequências							
Nº de caracteres totais	604	342	471	517	529	531	340
Nº de caracteres constantes	598	195	464	501	499	446	275
Sítios variáveis e não informativos	4	80	6	11	20	54	38
Sítios informativos por parcimônia	2	67	1	5	10	31	27
Estatística das árvores							
Nº de árvores mais parcimoniosas	1	1	3	28	5000	16	1
Comprimento das árvores	6	220	7	20	37	111	78
Índice de consistência (IC)	1,0	0,82	1,0	0,90	0,86	0,81	0,94
Índice de Retenção (IR)	1,0	0,85	1,0	0,88	0,87	0,89	0,97
Índice de Retenção Rescalonado (RC)	1,0	0,70	1,0	0,79	0,75	0,73	0,92

Análise com MP com *psbA-trnH*:



**Figura 31.** Árvores filogenéticas de MP geradas a partir de seqüências do marcador *psbA-trnH*. A árvore da esquerda foi gerada sem considerar os gaps, enquanto que a árvore da direita foi gerada com a atribuição numérica dos gaps. *Cocos nucifera* (GQ 435464.1) foi utilizado como *outgroup*. O valor indicado acima dos ramos indica a porcentagem de *bootstrap*.

## **Máxima Verossimilhança**

As árvores de MV não apresentaram informações significativas diferentes das árvores de IB e de MP. As árvores geradas podem ser observadas no Anexo IV (páginas 115-120).

## **DISCUSSÃO**

Em vista da escassez de estudos de *barcode* para o gênero *Attalea*, este trabalho representa um esforço pioneiro no sentido de ampliar o banco de dados de sequências nucleotídicas potencialmente informativas para auxiliar análises de identificação taxonômica nestas espécies. As análises filogenéticas moleculares levaram a mudanças dramáticas na classificação das palmeiras, como mostra a comparação entre a primeira e a segunda edições do Genera palmarum (UHL & DRANSFIELD, 1987; DRANSFIELD *et al.*, 2008). Elucidar regiões *barcode* potencialmente úteis para o gênero *Attalea* podem ajudar a fomentar a classificação taxonômica atual ou propor ajustes na já existente.

### **Amplificação e sequenciamento das amostras de *Attalea*.**

O uso de sequências de DNA para a inferência da identidade taxonômica por *barcode* de um grupo de espécies necessita de uma ampla amostragem de sequências. A baixa quantidade de amostras com qualidade satisfatória ocorre devido a problemas na etapa de extração de DNA ou na etapa de sequenciamento, ou ainda devido à baixa qualidade da amostra utilizada.

A extração de DNA das amostras deste estudo foi repetida três vezes, sendo uma delas feita com o protocolo de sorbitol, portanto é mais provável que a baixa qualidade das amostras foliares tenha sido a causa do baixo rendimento.

O DNA extraído pode ser utilizado para a amplificação tanto de fragmentos, como para sequenciamento. Também é possível observar que a porcentagem de amplificação das amostras com os marcadores plastidiais foi expressivamente maior do que a amplificação observada com os marcadores nucleares (Figura 18). Como os marcadores *barcode* nucleares podem ser utilizados com praticamente todos os seres vivos, nas análises com marcador ITS observou-se a contaminação de muitas amostras com fungos.

Uma dificuldade que a amplificação com os marcadores pode ter apresentado se deve ao fato do DNA estar degradado. Outro problema se deve ao isolamento de polissacarídeos, fenóis e

compostos secundários no isolamento e purificação de DNA vegetal, podendo danificar o DNA e inibir a ação da enzima *Taq* polimerase (MOLINARI & CROCHEMORE, 2001). Esses compostos ligam-se ao DNA após a lise das células e muitas vezes não podem ser removidos por procedimentos convencionais de extração (MALIYAKAL, 1992).

Uma das premissas da metodologia *barcode* é a rápida identificação das espécies. Para que isso aconteça, é necessária a rápida extração e amplificação de DNA para conseguinte análise das sequências. A dificuldade observada neste trabalho para a amplificação das amostras de diferentes espécies de *Attalea* se mostra um empecilho para a aplicação da técnica *barcode* neste gênero. Outros protocolos de extração de DNA necessitam ser testados a fim de solucionar este problema. Danner e colaboradores (2011) testaram diferentes protocolos de extração de DNA de jabuticabeiras comparando diferentes tecidos vegetais. Os resultados demonstraram degradação e contaminação na extração em que se utilizaram folhas maceradas diretamente com tampão CTAB (2%), e bons resultados com os demais tecidos vegetais. São necessários novos testes para otimizar a extração do DNA de espécies de *Attalea* para a utilização da técnica *barcode*.

### **Distâncias Intraespecíficas e Interespecíficas (Kimura 2P).**

A caracterização dos intervalos de variação intraespecífica e interespecífica apresentaram-se como zero para os marcadores *matk*, *rbcL* e *trnL*, muito próximas de zero para o marcador *psbA-trnH*. Para os marcadores ITS e PRK as distâncias intraespecíficas foram menores do que as distâncias interespecíficas. Limiares para diferenciação entre distâncias intraespecíficas e interespecíficas e de matrizes de distância são utilizadas na construção de fenogramas (HEBERT *et al.*, 2003). Hebert e colaboradores (2003) sugerem o uso de um limiar de 3% para a distinção de espécies, enquanto Hebert e colaboradores (2004) defendem a utilização de estimativas grupo-específicas obtidas pela multiplicação da distância média intraespecífica por 10. Alguns autores já haviam levantado o problema de utilizar um único valor de distância para identificação de espécies, principalmente daquelas proximamente relacionadas (MEYER & PAULAY 2005; RUBINOFF, 2006). Assim, foi sugerido que um valor universal para delimitar os táxons não deve ser considerado como um critério objetivo para estabelecer o limite entre as espécies (DeSALLE *et al.*, 2005).

Considerando-se as distâncias intraespecíficas e interespecíficas, os locos PRK e ITS apresentaram um menor nível de divergência genética dentro das espécies do que entre as espécies de *Attalea* analisadas (Figuras 20 e 22). De acordo com Meyer e Paulay (2005) este é um pré-requisito para que um marcador possa ser utilizado como *barcode*. Somente o marcador ITS apresentou *barcode gap*, intervalo que separa as frequências entre as variações intraespecíficas e

interespecíficas. Meier e colaboradores (2006) concluíram que a utilização da distância média interespecífica superestima o *barcode gap* e pode conduzir a identificações errôneas, e sugeriram que a utilização da distância mínima interespecífica produz identificações mais precisas. O marcador PRK apresentou sobreposição das distâncias genéticas intraespecíficas e interespecíficas, o que não é desejável. Sobreposição na distribuição das distâncias genéticas entre os indivíduos de uma mesma espécie e indivíduos de espécies de um mesmo gênero podem ser originários de profundas divergências intraespecíficas, ou baixas divergências entre espécies irmãs (HUBERT *et al.*, 2008). No entanto, os dados sugerem que mesmo sem um *barcode gap*, o marcador PRK foi eficiente na separação de algumas espécies. A caracterização dos intervalos de variação intraespecífica e interespecífica dos marcadores ITS e PRK resultaram em distribuições distintas, sugerindo grande potencial para auxiliar na resolução de conflitos taxonômicos, apesar de ser necessário ampliar esta caracterização para um maior número de amostras e número de espécies, além de validar o intervalo de variação intraespecífica e interespecífica para este gênero.

### **Árvores de barcode com os métodos de IB, MP e MV**

Nas árvores geradas por IB, MP e MV com os primers *matK*, *rbcL* e *trnL* observa-se que as diferentes amostras de *Attalea* não foram agrupadas de forma a separar espécies.

A árvore gerada a partir do marcador *psbA-trnH* separou as espécies *A. funifera* e *A. phalerata* em um clado com significância, apesar de uma amostra de herbário de *A. phalerata* se apresentar fora deste clado, o que pode significar uma identificação errônea do acesso ou a baixa confiabilidade na identificação desta espécie para este marcador.

As regiões PRK e ITS apresentaram cladogramas com melhor discriminação entre as seis regiões *barcode* testadas. Para o marcador PRK, as espécies *A. funifera*, *A. barreirensis* e *A. maripa* separaram-se em clados, porém as amostras de *A. barreirensis* dividiram-se em dois grupos distintos. Considerando-se que todas as amostras de *A. barreirensis* foram coletadas dentro da mesma população (pop. 21, localidade: São Raimundo das Mangabeiras, MA), sugere-se que esta população represente um complexo de espécies crípticas (SILVA-BRANDÃO *et al.*, 2009), que são definidas como duas ou mais espécies morfologicamente indistinguíveis, reprodutivamente isoladas e classificadas como uma única espécie nominal (GOODMAN *et al.*, 2009). Portanto, novas análises necessitam ser feitas dentro desta população, com novas coletas e outros marcadores para um melhor diagnóstico deste resultado.

O marcador ITS apresentou boa separação entre as espécies - dois grupos, um que agregou as amostras de *A. barreirensis* com *A. funifera* e outro em que se agruparam as amostras de *A. speciosa*,

*A.eichleri* e *A.vitrivir*. O fato de as espécies *A.vitrivir* e *A. speciosa* estarem no mesmo clado corroboram com Pintaud e colaboradores (2008) que, em sua revisão, definiram o complexo *Attalea speciosa*, no qual as espécies *A. brejinhoensis*, *A. speciosa*, *A. spectabilis*, *A. vitrivir* estão agrupadas.

As espécies *A. eichleri*., *A. speciosa* e *A. vitrivir* tenderam a agrupar-se em todos os marcadores analisados. As espécies *A. funifera* e *A. maripa* apresentaram boa resolução com o marcador PRK.

As palmeiras são bem conhecidas pela alta variabilidade das taxas de evolução do DNA plastidial (BAKER *et al.*, 1999; ASMUSSEN *et al.*, 2000; BAKER *et al.*, 2000; DRANSFIELD *et al.*, 2008). No entanto, os marcadores plastidiais apresentaram menos dados filogeneticamente informativos do que os dados dos marcadores nucleares, como demonstrado pela comparação das estatísticas das análises dos nucleotídios (Tabela 9) associadas com as distribuições das espécies nas árvores de IB, MP e MV ( Figuras de 25-42). Isso pode ser explicado porque, ao contrário do DNA plastidial, o DNA nuclear tem origem biparental, o que aumenta o poder de separação de espécies dos marcadores na região do ITS, como demonstrado por Hollingsworth (2011).

As amostras de *A. teixeirana* são híbridos de *A. speciosa* e *A. eichleri*. Como os plastídios são herdados pela mãe, se os marcadores tivessem apresentado discriminação cladística, seria possível distinguir quais das duas espécies de origem representaria a mãe de cada híbrido. No entanto, como estes marcadores não apresentaram resolução sequer para separar estas duas espécies parentais, não foi possível realizar este tipo de análise.

São ainda necessários mais testes com mais amostras para comprovar a distribuição cladística observada. Uma combinação de todos os marcadores é necessária para uma melhor visualização do conjunto de dados deste trabalho, porém esta junção não foi possível devido a dificuldade das mesmas amostras amplificarem para todos os marcadores analisados.

## CONCLUSÕES

Os relacionamentos entre as espécies estudadas do gênero *Attalea* ainda não estão claros. O uso de marcadores *barcode* em espécies do gênero *Attalea* necessita ser aprimorado.

Para o uso eficiente do uso da tecnologia *barcode*, é necessário o estabelecimento de protocolos de extração de DNA, PCR e sequenciamento eficientes que maximizem o aproveitamento e minimizem a contaminação das espécies de *Attalea*.

Os marcadores *rbcL*, *trnL* e *matK* não apresentaram resolução suficiente para a discriminação das espécies. Os marcadores *psbA-trnH*, ITS e PRK apresentaram resultados potencialmente satisfatórios para serem usados como regiões *barcode* para espécies de *Attalea*.

São necessárias novas análises com maior amostragem para ratificar a eficácia dos marcadores *psbA-trnH*, ITS e PRK para as espécies mencionadas. Deve ser realizada a busca de outros marcadores que juntamente com os já elucidados sejam suficientes para distinguir todas as espécies dentro do gênero *Attalea* e auxiliar na identificação e classificação taxonômica destas espécies.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICA

- ALBERT, V. A. et al. **Parsimony, phylogeny, and genomics**. Oxford University Press, 2005.
- ALMEIDA, A. W. B. **Quebradeiras de Coco Babaçu: identidade e mobilização**. São Luís: III Encontro Estadual das Quebradeiras de Coco babaçu. 1995.
- ALVARADO, G.; JÁUREGUI, D. Anatomía del raquis y la lámina foliar de *Attalea butyracea* (Mutis ex L.f) Wess. Boer y *Attalea marypa* (Aubl.) Mart.(Arecaceae, Arecoideae). **Pittieria**, v. 35, p. 71-83, 2011.
- ANDERSON, A. B.; BALICK, M. J. Taxonomy of the Babassu complex (*Orbignya spp.*: Palmae). **Systematic Botany**, p. 32-50, 1988.
- ANDERSON, A. B.; MAY, P. H.; BALICK, M. J. **The subsidy from nature: Palm forests, peasantry, and development on an Amazon frontier**. Columbia University Press, 230p. 1991.
- ANDERSON, A. B.; BALICK, M. J. Taxonomy of the Babassu complex (*Orbignya spp.*: Palmae). **Systematic Botany**, p. 32-50, 1988.
- ARAÚJO, M. G. P.; LEITÃO, A. M.; MENDONÇA, M. S. Morfologia do fruto e da semente de Inajá (*Attalea maripa* (Aubl.) Mart.) - Palmae. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 22, n. 2, p. 31-38, 2000.
- ARAÚJO, E. C. E. Estado da arte e potencial do babaçu para a agroenergia. In: **CONGRESSO BRASILEIRO DE PLANTAS OLEAGINOSAS, ÓLEOS, GORDURAS E BIODIESEL, 5.; CLÍNICA TECNOLÓGICA EM BIODIESEL, 2.**, Lavras. Biodiesel: tecnologia limpa. **Anais...** Lavras: UFLA, 12p. 2008.
- ASMUSSEN, C. B.; BAKER, W. J.; DRANSFIELD, J. Phylogeny of the palm family (Arecaceae) based on rps16 intron and trnL-trnF plastid DNA sequences. **Monocots: systematics and evolution**. **Collingwood, Australia: CSIRO**, p. 525-537, 2000.
- AVRAHAM, S. et al. Structural and functional studies of the intracellular tyrosine kinase MATK gene and its translated product. **Journal of Biological Chemistry**, v. 270, n. 4, p. 1833-1842, 1995.
- AZEREDO, A. M. L. O Código de barras da vida baseado no DNA “Barcoding of Life”: considerações e perspectivas. **Centro de Gestão e Estudos Estratégicos. SP, CBMEG UNICAMP**, 2005.
- BAKER, W. J. et al. A phylogenetic study of the palm family (Palmae) based on chloroplast DNA sequences from the trnL-trnF region. **Plant Systematics and Evolution**, v. 219, n. 1-2, p. 111-126, 1999.
- BAKER, W. J.; HEDDERSON, T. A.; DRANSFIELD, J. Molecular phylogenetics of subfamily Calamoideae (Palmae) based on nrDNA ITS and cpDNA rps16 intron sequence data. **Molecular phylogenetics and evolution**, v. 14, n. 2, p. 195-217, 2000.
- BAKER, W. J.; DRANSFIELD, J. Beyond Genera Palmarum: progress and prospects in palm systematics. **Botanical Journal of the Linnean Society**, 2016.

- BALICK, M. J. **Systematics and economic botany of the *Oenocarpus-Jessenia* (Palmae) complex**. New York Botanical Garden, New York (EUA), *Advances in Economic Botany*. 3:1-140.1986.
- BALICK, M. J.; PINHEIRO, C. Babaçu *Orbignya phalerata*. In: CLAY, Jason W.; PAULO DE TARSO, B. Sampaio; CLEMENT, Charles R.. **Biodiversidade amazônica: exemplos e estratégias de utilização**. Manaus, Instituto Nacional de Pesquisa da Amazônia, SEBRAE. p. 255-263. 2000..
- BARBOSA RODRIGUES, J. *Palmae Mattogrossenses novae vel minus cognitae*. **Rio de Janeiro**, p. 1-88, 1898.
- BESPALHOK, J. C.; GUERRA, E. P.; OLIVEIRA, R. **Melhoramento de Plantas**. Disponível em: [www.bespa.agrarias.ufpr.br/conteudo](http://www.bespa.agrarias.ufpr.br/conteudo) (2007). Acesso em novembro de 2014.
- BORCHSENIUS, F. FastGap 1.2. **Department of Biological Sciences, University of Aarhus, Aarhus, Denmark**, 2009.
- BRANDÃO, M.; LACA-BUENDIA, J. P.; MACEDO, J. F. **Árvores nativas e exóticas do Estado de Minas Gerais**. Belo Horizonte: Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais 528p. Por Geog, v. 4, 2002.
- CARRAZZA, L. R. et al. **Manual tecnológico de aproveitamento integral do fruto e da folha do Babaçu**. 2ª Ed. Brasília: Instituto Sociedade, População e Natureza. p.62. 2012.
- CARVALHO, D.C. de et al. Identificação molecular de peixes: o caso do Surubim (*Pseudoplatystoma* spp.). **Rev Bras Reprod Anim**, v. 32, n. 5, 2008.
- CAVALLARI, M.M. et al. What is the name of the babassu? A note on the confusing use of scientific names for this important palm tree. **Rodriguésia** 67(2): 533-538, 2016.
- CHINA PLANT BOL GROUP. A DNA barcode for land plants. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 106, n. 31, p. 12794-12797, 2009.
- CHINA PLANT BOL GROUP. Comparative analysis of a large dataset indicates that internal transcribed spacer (ITS) should be incorporated into the core barcode for seed plants. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 108, n. 49, p. 19641-19646, 2011.
- CHOO, J. et al. Characterization of 14 microsatellite loci in a tropical palm, *Attalea phalerata* (Arecaceae). **American journal of botany**, v. 97, n. 11, p. e105-e106, 2010.
- COELHO, A. S. G.. BOOD: avaliação de dendrogramas baseados em estimativas de distâncias/similaridades genéticas através do procedimento de bootstrap. **Goiânia: UFG**, v. 1, 2000.
- COELHO, S. T. et al. **Panorama do potencial de biomassa no Brasil**. Agência Nacional de Energia Elétrica, MCT, Brasília, 75p. 2002.
- COLLARES, D.G. **Babaçu e seus coprodutos: uma alternativa de renda**. Prosa Rural. Embrapa Agroenergia. Disponível em: <http://hotsites.sct.embrapa.br/prosarural/programação/2012>. Acesso em Novembro de 2014.
- CORRÊA, C. E.; FISCHER, E.; DOS SANTOS, F. A.M. Seed banks on *Attalea phalerata* (Arecaceae) stems in the Pantanal wetland, Brazil. **Annals of botany**, v. 109, n. 4, p. 729-734, 2012.

- DANNER, M. A.; SASSO, S. A. Z.; BITTENCOURT, J. V. M.; CITADIN, I.; SACHET, M. R. Proposta de protocolo para extração de DNA de jabuticabeira. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 21, n. 2, p. 363-367, abr.-jun., 2011.
- DE MESQUITA, B. A. AS MULHERES AGROEXTRATIVISTAS DO BABAÇU: a pobreza a serviço da preservação do meio ambiente. **Revista Políticas Públicas**, v. 12, n. 1, 2015.
- DE OLIVEIRA, R. P.; LONGHI-WAGNER, H. M.; LEITE, K. R. B. A contribuição da anatomia foliar para a taxonomia de *Raddia* Bertol. (Poaceae: Bambusoideae). **Acta bot. bras**, v. 22, n. 1, p. 1-19, 2008.
- DeSALLE, R.; EGAN, M. G.; SIDDALL, M. The unholy trinity: taxonomy, species delimitation and DNA barcoding. **Philosophical Transactions of the Royal Society of London B: Biological Sciences**, v. 360, n. 1462, p. 1905-1916, 2005.
- DOYLE, J.J.; DOYLE, J.L. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. **Phytochem bull**, v. 19, p. 11-15, 1987.
- DRANSFIELD, J. et al. A new phylogenetic classification of the palm family, Arecaceae. **Kew Bulletin**, p. 559-569, 2005.
- DRANSFIELD, J. et al. *Genera Palmarum: The Evolution and Classification of Palms*. Kew, UK: **Royal Botanic Garden**. 777p. 2008.
- EISERHARDT, W. L. et al. Phylogeny and divergence times of Bactridinae (Arecaceae, Palmae) based on plastid and nuclear DNA sequences. **Taxon**, v. 60, n. 2, p. 485-498, 2011.
- ELLIS, R.P. A review of comparative leaf blade anatomy in the systematics of the Poaceae: the past twenty-five years. Pp. 3-10. In: T.R. Soderstrom; K.W. Hilu; C.S. Campbell & M.E. Barkworth (eds.). **Grass Systematics and Evolution**. Washington, Smithsonian Institution Press. 1987.
- FELSENSTEIN, J. Evolutionary trees from DNA sequences: a maximum likelihood approach. **Journal of molecular evolution**, v. 17, n. 6, p. 368-376, 1981.
- FELSENSTEIN, J. Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. **Evolution**, p. 783-791, 1985.
- FIGUEIREDO, L.D. **Embates nos babaçuais. Do espaço doméstico ao espaço público – lutas das quebradeiras de coco babaçu no Maranhão**. Dissertação de Mestrado. UFPA – Centro Agropecuário: Embrapa Amazônia Oriental, Belém, PA: 199p. , 2005.
- FORD, C. S. et al. Selection of candidate coding DNA barcoding regions for use on land plants. **Botanical Journal of the Linnean Society**, v. 159, n. 1, p. 1-11, 2009.
- GLASSMAN, S. F. A taxonomic treatment of the palm subtribe Attaleinae (*Tribe Cocoeae*). **Illinois biol. Monogr**, v. 59, p.416, 1999.
- GONZÁLEZ-PÉREZ et al. Conhecimentos e usos do babaçu (*Attalea speciosa* Mart. E *Attalea eichleri* (Drude) A. J. Hend.) entre os Mebêngôkre-Kayapó da Terra Indígena Las Casas, estado do Pará, Brasil. **Acta Bot. Bras.** Vol26. no2. Feira de Santana, Apr/June. 2012.

- GOODMAN, S. M. et al. The use of molecular phylogenetic and morphological tools to identify cryptic and paraphyletic species: Examples from the diminutive long-fingered bats (Chiroptera: Miniopteridae: Miniopterus) on Madagascar. **American Museum Novitates**, p. 1-34, 2009.
- GOVAERTS, R.; DRANSFIELD J. et al. **World checklist of palms**. Royal botanic gardens, 2005.
- GUIMARÃES, C. A. L.; SILVA, L. A. M. **Piaçava da Bahia (*Attalea funifera* Martius): do extrativismo à cultura agrícola**. 2012.
- HALL, T. A. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. In: **Nucleic acids symposium series**. p. 95-98.1999.
- HEBERT, P. D. N. et al. Biological identifications through DNA barcodes. **Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences**, v. 270, n. 1512, p. 313-321, 2003.
- HEBERT, P. D. N. et al. Ten species in one: DNA barcoding reveals cryptic species in the neotropical skipper butterfly *Astrartes fulgerator*. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 101, n. 41, p. 14812-14817, 2004.
- HENDERSON, A.; CHÁVEZ, F. G. GALEANO & R. BERNAL. **Field guide to the palms of the Americas**. Princeton University Press, Princeton, New Jersey. 1995.
- HENDERSON, A. et al. **The palms of the Amazon**. Oxford University Press, p.362. 1995.
- HIGGINS, D. G.; SHARP, P. M. CLUSTAL: a package for performing multiple sequence alignment on a microcomputer. **Gene**, v. 73, n. 1, p. 237-244, 1988.
- HOLLINGSWORTH, P. M. Refining the DNA barcode for land plants. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 108, n. 49, p. 19451-19452, 2011.
- HOLLINGSWORTH, P. M.; GRAHAM, S. W.; LITTLE, D. P. Choosing and using a plant DNA barcode. **PloS one**, v. 6, n. 5, p. e19254, 2011.
- HORN, J. W. et al. Evolution of lamina anatomy in the palm family (Arecaceae). **American Journal of Botany**, v. 96, n. 8, p. 1462-1486, 2009.
- HUBERT, N. et al. Identifying Canadian freshwater fishes through DNA barcodes. **PLoS one**, v. 3, n. 6, p. e2490, 2008.
- IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Produção da Extração Vegetal e da Silvicultura 2009**. Disponível em: <<http://www.ibge.gov.br/home/estatistica/economia/pevs/2009/default.shtm>>. Comunicação Social. Acesso em: 24 nov. 42p. 2010.
- IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Produção da extração vegetal e da silvicultura: babaçu**. Rio de Janeiro, 2013. Disponível em: <<http://www.sidra.ibge.gov.br>>. Acesso em: 22 março 2013.
- JOHANSEN, D. A. **Plantmicrotechnique**. MacGraw-Rill Publishing Company LID., Bombay, p.198, 1940.
- KATOH, K.; STANDLEY, D. M. MAFFT multiple sequence alignment software version 7:

- improvements in performance and usability. **Molecular biology and evolution**, v. 30, n. 4, p. 772-780, 2013.
- KIMURA, M. A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. **Journal of molecular evolution**, v. 16, n. 2, p. 111-120, 1980.
- KRESS, W. J. et al. Use of DNA barcodes to identify flowering plants. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 102, n. 23, p. 8369-8374, 2005.
- KRESS, W. J.; ERICKSON, D. L. A two-locus global DNA barcode for land plants: the coding *rbcl* gene complements the non-coding *trnH-psbA* spacer region. **Plos one**, v. 2, n. 6, p. e508, 2007.
- KRESS, W. J. et al. Plant DNA barcodes and a community phylogeny of a tropical forest dynamics plot in Panama. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 106, n. 44, p. 18621-18626, 2009.
- LAHAYE, R. et al. DNA barcoding the floras of biodiversity hotspots. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 105, n. 8, p. 2923-2928, 2008.
- LARGET, B. et al. A Bayesian analysis of metazoan mitochondrial genome arrangements. **Molecular Biology and Evolution**, v. 22, n. 3, p. 486-495, 2005.
- LEITMAN, P.; HENDERSON, A.; NOBLICK, L. Arecaceae In: **Lista de Espécies da Flora do Brasil, Jardim Botânico do Rio de Janeiro**, (2014). Jardim Botânico do Rio de Janeiro. In: <http://www.floradobrasil.jbrj.gov.br/jabot/listaBrasil/PrincipalUC/PrincipalUC.do>. Acesso em novembro de 2014.
- LEWIS, C. E.; DOYLE, J. J. A phylogenetic analysis of tribe Areceae (Arecaceae) using two low-copy nuclear genes. **Plant Systematics and Evolution**, v. 236, n. 1-2, p. 1-17, 2002.
- LIMA, A. M. et al. Utilização de fibras (epicarpo) de babaçu como matéria-prima alternativa na produção de chapas de madeira aglomerada. **Revista Árvore**, v. 30, n. 4, p. 645-650, 2006.
- LIMA, J. R. O. et al. Biodiesel de babaçu (*Orbignya* sp.) obtido por via etanólica. **Quim. Nova**, v. 30, n. 3, p. 600-603, 2007.
- LIU, Y. J.; WHELEN, S.; HALL, B. D. Phylogenetic relationships among ascomycetes: evidence from an RNA polymerase II subunit. **Molecular Biology and Evolution**, v. 16, n. 12, p. 1799-1808, 1999.
- LOPES, D.N.; SANTOS, B.O.; ARAÚJO, M. G. P. Estudo anatômico dos folíolos de *Attalea microcarpa* (Arecaceae). **64º Congresso Nacional de Botânica**, Belo Horizonte, Brasil 10-15 de Novembro, 2013.
- LORENZI, H. et al. **Palmeiras no Brasil: nativas e exóticas**. Odessa, São Paulo: Editora Plantarum, 303p. 1996.
- LORENZI, H. **Árvores Brasileiras: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas do Brasil**. 3. Ed. Nova Odessa: Plantarum, v1. 352p. 2000.

- LORENZI, H. et al. **Flora brasileira Lorenzi: Arecaceae (palmeiras)**. Nova Odessa, São Paulo. Instituto Plantarum. 99p. 2010.
- MADDISON, W. P.; MADDISON, D. R. Mesquite: a modular system for evolutionary analysis. Version 3.01. 2014.
- MALIYAKAL, E. J. An efficient method for isolation of RNA and DNA from plants containing polyphenolics. **Nucleic Acids Research**, v.20, p.2381, 1992.
- MARTENS, J.; UHL, N. W.; BAILEY, L. H. Methods for the study of leaf anatomy in palms. **Stain technology**, v. 55, n. 4, p. 241-246, 1980.
- MARTIN, J. T.; JUNIPER, B. E. **The cuticles of plants**. Edinburgh, Edward Arnold Ltda. 347p.1970.
- MARTINS, R. C. **A família Arecaceae (Palmae) no estado de Goiás: Florística e etnobotânica**. Tese (doutorado)—Universidade de Brasília, Programa de Pós-Graduação em Botânica, Universidade de Brasília. 297p. 2013.
- MATOS, D. G. P.; BERNAL, F. S. M.; FARIAS FILHO, M. S. A importância social e econômica do extrativismo do babaçu na microrregião de Itapecuru-mirim, estado do Maranhão. In: ANAIS DO XVI ENCONTRO NACIONAL DO GEÓGRAFOS. **Anais...** ISBN 978:85:99907:02:3 Porto Alegre – RS, 2010.
- MAY, P. H. et al. Babassu palm in the agroforestry systems in Brazil's Mid-North region. **Agroforestry systems**, v. 3, n. 3, p. 275-295, 1985.
- MEDEIROS-COSTA, J. T. **Cooperação Técnica para fortalecer o Programa de Pesquisa em babaçu**. Teresina – PI, 1985. (Relatório final - Pesquisa agropecuária 11.2.SB.1; K.02.SBB.1.10).
- MEIER, R. et al. DNA *barcoding* and taxonomy in Diptera: a tale of high intraspecific variability and low identification success. **Systematic biology**, v. 55, n. 5, p. 715-728, 2006.
- MEIRELLES, J.F. **O Livro de Ouro da Amazônia: Mitos e verdades sobre a região mais cobiçada do planeta**. 4 ed. São Paulo, Ediouro. 2004.
- MEYER, C.P. & PAULAY, G. DNA barcoding: error rates based on comprehensive sampling. **PLoS biol**, v. 3, n. 12, p. e422, 2005.
- MOLINARI, H. B.; CROCHEMORE, M. L. Extração de DNA genômico de *Passiflora* spp. para análises PCRRAPD. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 23, n. 2, p. 447-450, 2001.
- MORTON, B. R.; CLEGG, M. T. A chloroplast DNA mutational hotspot and gene conversion in a noncoding region near *rbcL* in the grass family (Poaceae). **Current Genetics**, v. 24, n. 4, p. 357-365, 1993.
- MOURA, G. S.; FRANZENER, G. Anatomia foliar de *Corymbia citriodora* (Hook.) KD Hill & LAS Johnson oriundas da região noroeste do Paraná—Leaf anatomy of *Corymbia citriodora* (Hook.) KD Hill & LAS Johnson coming from Northeast Paraná. **Revista de Biologia Neotropical**, v. 11, n. 2, p. 116-123, 2015.

- NELSON, L.A.; WALLMAN, J.F.; DOWNTON, M. Using COI barcodes to identify forensically and medically important blowflies. **Medical and veterinary entomology**, v. 21, n. 1, p. 44-52, 2007.
- NEVES, S.C. et al. Diaspore structure and germination ecophysiology of the babassu palm (*Attalea vitrivir*). **Flora-Morphology, Distribution, Functional Ecology of Plants**, v. 208, n. 1, p. 68-78, 2013.
- NORUP, M. V. et al. Homoplasious character combinations and generic delimitation: a case study from the Indo-Pacific arecoid palms (Arecaceae: Areceae). **American journal of botany**, v. 93, n. 7, p. 1065-1080, 2006.
- ORTIZ, M. F. **Validação do DNA barcoding como identificador de espécies: um estudo de ampla amostragem com o gênero Pseudoplatystoma (siluriformes; pimelodidae) na Amazônia.** Dissertação de Mestrado. Instituto Nacional de Pesquisas na Amazônia – INPA. Manaus, Amazonas. 73p. 2010.
- PINEDO, A. S. et al. Leaf anatomy in *Allagoptera* (Arecaceae). **Botanical Journal of the Linnean Society**. April, 2016.
- PINHEIRO, C. U. B. **Anatomia da folha de *O. phalerata* Martius *O. eichleri* Drude e *O. teixeirana* Bondar (Palmae).** Boletim de pesquisa n°10, EMBRAPA-UEPAE de Teresina, 31p. 1986.
- PINTAUD, J. C. Las palmeras en América del Sur. An overview of the taxonomy of *Attalea* (Arecaceae). **Rev. peru. biol.** Novembro, 15(supl. 1): 055- 063. 2008.
- POSADA, D. jModelTest: phylogenetic model averaging. **Molecular biology and evolution**, v. 25, n. 7, p. 1253-1256, 2008.
- RABELO, A. Frutas Nativas do Cerrado. Inajá, fruteira amazônica de grande potencial alimentar, industrial e paisagístico. 2013. Disponível em: <http://frutasnativasdaamazonia.blogspot.com.br/2012/05/normal-0-21-microsoftinternetexplorer4.html>. Acesso em 20/02/2016.
- RAMBAUT, A. FigTree, v1. 4.2: Tree Figure Drawing Tool. Molecular evolution, phylogenetics and epidemiology. 2014.
- REITZ, R. P. In: R. REITZ, Ed. Flora ilustrada catarinense. Herbário Barbosa Rodrigues, Itajaí. 124p. 1974.
- RONCAL, J. et al. Molecular phylogenetics of tribe Geonomeae (Arecaceae) using nuclear DNA sequences of phosphoribulokinase and RNA polymerase II. **Systematic Botany**, v. 30, n. 2, p. 275-283, 2005.
- RONQUIST, F.; HUELSENBECK J. P. MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. **Bioinformatics**, v. 19, n. 12, p. 1572-1574, 2003.
- RUBINOFF, D. Utility of mitochondrial DNA barcodes in species conservation. **Conservation Biology**, v. 20, n. 4, p. 1026-1033, 2006.
- RUSSELL, A. et al. Phylogenetics and cytology of a pantropical orchid genus *Polystachya* (Polystachyinae, Vandaeae, Orchidaceae): evidence from plastid DNA sequence data. **Taxon**, p. 389-

404, 2010.

SANG, T. et al. Chloroplast DNA phylogeny, reticulate evolution, and biogeography of *Paconia* (Paconiaceae). **American Journal of Botany**. 84:1120-1136. 1997.

SANTOS, M. F. et al. Utilização de primers RAPD para estudo de diversidade genética de acessos de babaçu (*orbignya phalerata* mart) coletados de diferentes regiões. In: **CONGRESSO BRASILEIRO DE PLANTAS OLEAGINOSAS, ÓLEOS, GORDURAS E BIODIESEL, 5.**; **CLÍNICA TECNOLÓGICA EM BIODIESEL, 2.**, 2008, Lavras. Biodiesel: tecnologia limpa. **Anais...** Lavras: UFLA, 6p. 2008.

SANTOS, N. C.; SILVA, L. B.; LEITE, K. R. B. Anatomia foliar comparada de *Attalea barreirenses* glassman e *Attalea geraensis* barb.rod. (Arecaceae) como subsídio à taxonomia do gênero. In: **62º CONGRESSO NACIONAL DE BOTÂNICA**, 07 a 12 de Agosto, Frotaleza, Ceará, Brasil. 2011.

SILVA-BRANDAO, K. L.; LYRA, M. L.; FREITAS, A. V. L. Barcoding Lepidoptera: current situation and perspectives on the usefulness of a contentious technique. **Neotropical entomology**, v. 38, n. 4, p. 441-451, 2009.

SILVA, R. J. F. & POTIGUARA R. C. V. Aplicações taxonômicas da anatomia foliar de espécies amazônicas de *Oenocarpus* Mart. (Arecaceae). **Acta Botanica Brasilica**. 22: 999–1014. 2008.

SILVEIRA, A. Programa Ambiental: A Última Arca de Noé - *Attalea funifera* (Piaçava; *Attalea* palm). 2013. Disponível em: <http://www.ultimaarcadenoe.com.br/attalea-funifera/>. Acesso em 20/02/2016.

SITTOLIN, I. M. et al. Documentação e informatização do banco ativo de germoplasma de babaçu da Embrapa Meio-Norte (EMBRAPA CPAMN), Teresina, PI. In: **SIMPÓSIO BRASILEIRO DE RECURSOS GENÉTICOS, 2.**, 2008, Brasília, DF. **Anais...** Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2008.

SNEATH, P. H. A. & SOKAL R. R. **Numerical taxonomy. The principles and practice of numerical classification**. 1973.

SOUZA M. H. S. L. et al. Ethnopharmacological use of babassu (*Orbignya phalerata* Mart) in communities of babassu nut breakers in Maranhão, Brazil. **J. Ethnopharmacol**. 133: 1-5, 2011.

SOUZA, H. A. et al. Isolation of high quality and polysaccharide-free DNA from leaves of *Dimorphandra mollis* (Leguminosae), a tree from the Brazilian Cerrado. **Genet Mol Res**, v. 11, p. 756-764, 2012.

STACE, C. A. Cuticular studies as an aid to plant taxonomy. **Bull. Brit. Mus.(Nat. Hist.) Bot**, v. 4, n. 1, p. 3-78, 1965.

SUGITA, M.; SHINOZAKI, K.; SUGIURA, M. Tobacco chloroplast tRNA<sup>Lys</sup> (UUU) gene contains a 2.5-kilobase-pair intron: an open reading frame and a conserved boundary sequence in the intron. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 82, n. 11, p. 3557-3561, 1985.

SWOFFORD, D. L. PAUP\*: Phylogenetic analysis using parsimony, version 4.0 b4a. **Illinois Natural History Survey, Champaign**, Sunderland, MA: Sinauer Associates. 2002.

TABERLET, P. et al. Universal primers for amplification of three non-coding regions of chloroplast

DNA. **Plant molecular biology**, v. 17, n. 5, p. 1105-1109, 1991.

TAMURA, K.; NEI, M.; KUMAR, S. Prospects for inferring very large phylogenies by using the neighbor-joining method. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 101, n. 30, p. 11030-11035, 2004.

TAMURA, K. et al. MEGA6: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. **Molecular biology and evolution**, p. mst197, 2013.

THOMAS, M. M. et al. Molecular phylogeny of the palm genus *Chamaedorea*, based on the low-copy nuclear genes PRK and RPB2. **Molecular phylogenetics and evolution**, v. 38, n. 2, p. 398-415, 2006.

TOMLINSON, P. B. **Anatomy of the monocotyledons. II. Palmae**. Oxford University Press, Oxford, UK. 1961.

TOMLINSON, P. B. **The structural biology of palms**. Oxford University Press, 465p. 1990.

TOMLINSON, P. B.; HORN, J. W.; FISHER, J. B. **The anatomy of palms: Arecaceae-Palmae**. New York: Oxford University Press, 2011.

UHL, N. W.; DRANSFIELD, J. **Genera Palmarum A Classification of Palms Based on the Work of Harold E. Moore, Jr.** Allen Press, Kansas, 610p.1987.

WHITE, T. J. et al. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. **PCR protocols: a guide to methods and applications**, v. 18, n. 1, p. 315-322, 1990.

## **ANEXOS**

## Anexo I

**Tabela 15.** Dados morfológicos analisados como presença (1) e ausência (0) das características de cada uma das sete espécies de *Attalea*

Caracteres morfológicos	<i>A. speciosa</i>	<i>A. barreirensis</i>	<i>A. eichleri</i>	<i>A. funifera</i>	<i>A. maripa</i>	<i>A. phalerata</i>	<i>A. vitrivir</i>
Lamina foliar plana adaxialmente (0) ou com ondulações (1)	0	1	1	1	1	0	1
Lamina foliar plana abaxialmente (0) ou com ondulações (1)	1	1	1	1	1	1	1
Tricomas glandulares presentes em ambas as faces	1	1	1	1	1	1	1
Células da epiderma adaxial lisas(0) ou com ondulações(1)	1	0	0	1	1	0	0
Células da epiderma abaxial lisas(0) ou com ondulações(1)	1	0	0	0	1	0	1
Cutícula adaxial delgada (0) ou espessa (1)	0	1	1	0	1	0	0
Cutícula abaxial delgada(0) ou espessa (1)	0	1	1	1	1	1	1
Células comuns da epiderme adaxial predominantemente retangulares	1	1	1	1	1	1	1
Células comuns da epiderme abaxial predominantemente retangulares	1	1	1	0	1	1	1
Pinas hipostomáticas (1) ou anfiestomáticas (0)	1	0	1	1	1	1	1
Complexo estomático tetracítico	1	1	1	1	1	1	1
Estômatos dispostos regularmente em fileiras	1	1	1	1	1	1	1
Câmaras subestomáticas presentes (1) ausentes (0)	1	1	0	0	0	0	1
Cristas estomáticas ausentes	1	1	1	1	1	1	1

**Continuação da Tabela 15.** Dados morfológicos analisados como presença (1) e ausência (0) das características de cada uma das sete espécies de *Attalea*.

<b>Caracteres morfológicos</b>	<i>A. speciosa</i>	<i>A. barreirensis</i>	<i>A. eichleri</i>	<i>A. funifera</i>	<i>A. maripa</i>	<i>A. phalerata</i>	<i>A. vitrivir</i>
<b>Células subsidiárias laterais reniformes</b>	1	1	1	0	0	1	1
<b>Células subsidiárias polares com formato reniforme (1) ou trapezoides (0)</b>	1	1	1	1	1	0	0
<b>Células buliformes retangulares</b>	1	1	1	1	1	1	1
<b>Mesofilo dorsiventral</b>	1	1	1	1	1	1	1
<b>Parênquima paliçádico com 1 camadas de células(0) ou com 2-3 camadas de células (1)</b>	0	1	1	0	0	0	1
<b>Hipoderme adaxial delgada (0) ou espessa (1)</b>	1	1	1	0	0	0	0
<b>Hipoderme abaxial delgada (0) ou espessa (1)</b>	1	1	1	0	0	0	0
<b>Feixe vascular principal colateral, ovoide, livre</b>	1	1	1	1	1	1	1
<b>Segmento da nervura principal com formato triangular (0) ou com formato trapezoide (1)</b>	1	0	1	0	1	1	0
<b>Segmento da nervura principal com ângulos arredondados (0) ou com ângulos obtusos (1)</b>	1	1	1	1	0	0	1
<b>Feixes vasculares de primeira ordem adaxialmente livres (0) ou travados (1)</b>	1	1	1	0	0	0	1
<b>Feixes vasculares de primeira ordem abaxialmente livres (0) ou travados (1)</b>	1	0	1	0	1	1	0
<b>Feixes vasculares de segunda ordem adaxialmente livres (0) ou travados (1)</b>	0	0	0	0	0	0	0
<b>Feixes vasculares de segunda ordem abaxialmente livres (0) ou travados (1)</b>	1	0	1	1	1	1	0

**Continuação da Tabela 15.** Dados morfológicos analisados como presença (1) e ausência (0) das características de cada uma das sete espécies de *Attalea*.

<b>Caracteres morfológicos</b>	<i>A. speciosa</i>	<i>A. barreirensis</i>	<i>A. eichleri</i>	<i>A. funifera</i>	<i>A. maripa</i>	<i>A. phalerata</i>	<i>A. vitrivir</i>
<b>Feixes vasculares de terceira ordem adaxialmente livres (0) ou travados (1)</b>	0	0	0	0	0	0	0
<b>Feixes vasculares de terceira ordem abaxialmente livres (0) ou travados (1)</b>	1	1	1	1	1	1	1
<b>Fibras permeando a hipoderme adaxial , ausência(0) ou presença(1)</b>	1	1	1	1	1	1	0
<b>Fibras permeando a hipoderme abaxial ausência(0) ou presença(1)</b>	1	1	0	0	1	0	1
<b>Margem foliar com ângulo agudo ou obtuso (1),ou arredondado (0)</b>	1	0	1	1	0	0	1
<b>Grupos de fibras marginais circulares permeando as células buliformes</b>	1	1	1	1	1	1	1
<b>Células buliformes na margem foliar ausência (0) ou presença(1)</b>	0	0	0	0	0	1	0

## Anexo II.

**Tabela 16.** Amostras de *Attalea* com suas respectivas informações de coleta.

<i>A. teixeirana</i> – híb – BA1	Perinã. Localidade: Grajaú, MA, S 06 00' 45.80640" W 46 03' 34.06680"
<i>A. teixeirana</i> – híb – BA4	"eichleri grande". Localidade: Grajaú, MA, S 06 00' 46.72440" W 46 03' 32.02920"
<i>A. teixeirana</i> – híb – BA39	"speciosa alta". Localidade: Grajaú, MA, S 06 00' 52.92000" W 46 03' 40.46040"
<i>A. teixeirana</i> – híb – CT22	Intermediária entre pindova e "eichleri grande". Localidade: Caxias, MA, S 04 53' 46.26240" W 43 15' 41.78160"
<i>A. teixeirana</i> – híb – CT01	Pindova, acaule. Localidade: Caxias, MA, S 04 53' 47.64840" W 43 15' 38.33280"
<i>A. teixeirana</i> – híb – CT02	Pindova, acaule. Localidade: Caxias, MA, S 04 53' 47.40720" W 43 15' 38.81520"
<i>A. teixeirana</i> – híb – CT16	"eichleri grande". Localidade: Caxias, MA, S 04 53' 46.28040" W 43 15' 41.41440"
<i>A. teixeirana</i> – híb – CT20	"eichleri grande". Localidade: Caxias, MA, S 04 53' 46.19400" W 43 15' 41.55840"
<i>A. teixeirana</i> – híb – CT37	Pindova. Localidade: Caxias, MA, S 04 53' 44.21760" W 43 15' 39.17520"
<i>A. teixeirana</i> – híb – CT38	"eichleri grande". Localidade: Caxias, MA, S 04 53' 43.52640" W 43 15' 38.57400"
<i>A. teixeirana</i> – híb – LA19	"speciosa baixa", talvez perinã. Localidade: Lajeado Novo, MA, S 06 12' 13.68720" W 47 02' 48.35040"
<i>A. teixeirana</i> – híb – FZ12	Localidade: Grajaú, MA, S 05 37' 24.43440" W 46 13' 58.97280"
<i>A. barreirensis</i> – B1	População (pop. 21). Localidade: São Raimundo das Mangabeiras, MA, S 07° 11'32.5" W 45° 48'12.8"
<i>A. barreirensis</i> – B2	População (pop. 21). Localidade: São Raimundo das Mangabeiras, MA, S 07° 11'32.5" W 45° 48'12.8"
<i>A. barreirensis</i> – B3	População (pop. 21). Localidade: São Raimundo das Mangabeiras, MA, S 07° 11'32.5" W 45° 48'12.8"
<i>A. barreirensis</i> – B4	População (pop. 21). Localidade: São Raimundo das Mangabeiras, MA, S 07° 11'32.5" W 45° 48'12.8"
<i>A. barreirensis</i> – B5	População (pop. 21). Localidade: São Raimundo das Mangabeiras, MA, S 07° 11'32.5" W 45° 48'12.8"
<i>A. barreirensis</i> – B6	População (pop. 21). Localidade: São Raimundo das Mangabeiras, MA, S 07° 11'32.5" W 45° 48'12.8"
<i>A. barreirensis</i> – B7	População (pop. 21). Localidade: São Raimundo das Mangabeiras, MA, S 07° 11'32.5" W 45° 48'12.8"
<i>A. barreirensis</i> – B8	População (pop. 21). Localidade: São Raimundo das Mangabeiras, MA, S 07° 11'32.5" W 45° 48'12.8"
<i>A. barreirensis</i> – B9	População (pop. 21). Localidade: São Raimundo das Mangabeiras, MA, S 07° 11'32.5" W 45° 48'12.8"
<i>A. barreirensis</i> – B10	População (pop. 21). Localidade: São Raimundo das Mangabeiras, MA, S 07° 11'32.5" W 45° 48'12.8"
<i>A. barreirensis</i> – B11	População (pop. 21). Localidade: São Raimundo das Mangabeiras, MA, S 07° 11'32.5" W 45° 48'12.8"
<i>A. barreirensis</i> – B12	População (pop. 21). Localidade: São Raimundo das Mangabeiras, MA, S 07° 11'32.5" W 45° 48'12.8"
<i>A. barreirensis</i> – B15	População (pop. 21). Localidade: São Raimundo das Mangabeiras, MA, S 07° 11'32.5" W 45° 48'12.8"
<i>A. barreirensis</i> – B16	População (pop. 21). Localidade: São Raimundo das Mangabeiras, MA, S 07° 11'32.5" W 45° 48'12.8"
<i>A. barreirensis</i> – B17	População (pop. 21). Localidade: São Raimundo das Mangabeiras, MA, S 07° 11'32.5" W 45° 48'12.8"
<i>A. eichleri</i> - E04	População (pop. 18). Localidade: Carolina, MA, S 07° 24' 40.9" W 47° 04' 46.2"

<i>A. eichleri</i> – E17	População (pop. 18). Localidade: Carolina, MA, S 07° 24' 40.9" W 47° 04' 46.2"
<i>A. eichleri</i> – E18	População (pop. 18). Localidade: Carolina, MA, S 07° 24' 40.9" W 47° 04' 46.2"
<i>A. eichleri</i> – E19	População (pop. 18). Localidade: Carolina, MA, S 07° 24' 40.9" W 47° 04' 46.2"
<i>A. eichleri</i> – E11	População (pop. 18). Localidade: Carolina, MA, S 07° 24' 40.9" W 47° 04' 46.2"
<i>A. eichleri</i> – CT07	População (pop. 18). Localidade: Carolina, MA, S 07° 24' 40.9" W 47° 04' 46.2"
<i>A. eichleri</i> – ES22	Localidade: Estreito, MA, S 06 50' 19.00680" W 47 26' 34.05480"
<i>A. funifera</i> - 1	Coleção particular do Carlos Alex na Bahia
<i>A. funifera</i> - 2	Coleção particular do Carlos Alex na Bahia
<i>A. funifera</i> - 3	Coleção particular do Carlos Alex na Bahia
<i>A. funifera</i> - 4	Coleção particular do Carlos Alex na Bahia
<i>A. funifera</i> - 5	Coleção particular do Carlos Alex na Bahia
<i>A. funifera</i> - 6	Coleção particular do Carlos Alex na Bahia
<i>A. funifera</i> - 7	Coleção particular do Carlos Alex na Bahia
<i>A. funifera</i> - 8	Coleção particular do Carlos Alex na Bahia
<i>A. funifera</i> - 9	Coleção particular do Carlos Alex na Bahia
<i>A. funifera</i> - 10	Coleção particular do Carlos Alex na Bahia
<i>A. funifera</i> - 11	Coleção particular do Carlos Alex na Bahia
<i>A. funifera</i> - 12	Coleção particular do Carlos Alex na Bahia
<i>A. funifera</i> - 15	Coleção particular do Carlos Alex na Bahia
<i>A. maripa</i> - 1	Coleção particular do Carlos Alex na Bahia
<i>A. maripa</i> - 4	Coleção particular do Carlos Alex na Bahia
<i>A. maripa</i> - 5	Coleção particular do Carlos Alex na Bahia
<i>A. maripa</i> - 6	Coleção particular do Carlos Alex na Bahia
<i>A. maripa</i> - 7	Coleção particular do Carlos Alex na Bahia
<i>A. maripa</i> - 10	Coleção particular do Carlos Alex na Bahia
<i>A. maripa</i> - 15	Coleção particular do Carlos Alex na Bahia
<i>A. maripa</i> - 16	Coleção particular do Carlos Alex na Bahia
<i>A. maripa</i> - 12	Coleção particular do Carlos Alex na Bahia
<i>A. phalerata</i> – P12	População (pop.15). Localidade: Tocantinópolis, TO, S 06° 30' 15.7"W 47° 28' 51.0"
<i>A. phalerata</i> – P30	População (pop.17). Localidade: Carolina, MA, S 07° 24' 47.9"W 47° 10' 45.3"
<i>A. phalerata</i> – P36	População (pop.17). Localidade: Carolina, MA, S 07° 24' 47.9"W 47° 10' 45.3"
<i>A. speciosa</i> – CT46	Localidade: Caxias, MA, S 04 53' 41.67960" W 43 15' 38.52000"
<i>A. speciosa</i> – CT47	Localidade: Caxias, MA, S 04 53' 41.44560" W 43 15' 39.18240"
<i>A. speciosa</i> – S6	População (pop.12). Localidade: Nazaré, TO, S 06° 23' 26.6"W 47° 38' 01.4"

<i>A. speciosa</i> – S7	População (pop.12). Localidade: Nazaré, TO, S 06° 23' 26.6"W 47° 38' 01.4"
<i>A. speciosa</i> – S9	População (pop.12). Localidade: Nazaré, TO, S 06° 23' 26.6"W 47° 38' 01.4"
<i>A. speciosa</i> – S3	População (pop.12). Localidade: Nazaré, TO, S 06° 23' 26.6"W 47° 38' 01.4"
<i>A. speciosa</i> – S4	População (pop.12). Localidade: Nazaré, TO, S 06° 23' 26.6"W 47° 38' 01.4"
<i>A. speciosa</i> – S5	População (pop.12). Localidade: Nazaré, TO, S 06° 23' 26.6"W 47° 38' 01.4"
<i>A. speciosa</i> – S8	População (pop.12). Localidade: Nazaré, TO, S 06° 23' 26.6"W 47° 38' 01.4"
<i>A. speciosa</i> – S17	População (pop.12). Localidade: Nazaré, TO, S 06° 23' 26.6"W 47° 38' 01.4"
<i>A. vitriviri</i> – 1BM	Bonito de Minas (MG), próximo de Montes Claros - Fornecido Universidade Estadual de Montes Claros
<i>A. vitriviri</i> – 2BM	Bonito de Minas (MG), próximo de Montes Claros - Fornecido Universidade Estadual de Montes Claros
<i>A. vitriviri</i> – 1M1	Montalvânia – MG – Divisa de MG com o sul da Bahia - Fornecido Universidade Estadual de Montes Claros
<i>A. vitriviri</i> – 2M1	Montalvânia – MG – Divisa de MG com o sul da Bahia - Fornecido Universidade Estadual de Montes Claros
<i>A. vitriviri</i> – 8BM	Bonito de Minas (MG), próximo de Montes Claros - Fornecido Universidade Estadual de Montes Claros

Anexo III. Tabelas de distâncias de Kimura 2P

Tabela 17. Estimativa de distâncias par a par entre as sequências de *Attalea* geradas para o marcador *rbcL* (Kimura 2P)

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	
1	<i>A. eichleri</i> – UB1091																		
2	<i>A. phalerata</i> – UB238	0,00																	
3	<i>A. speciosa</i> – UB10110	0,00	0,00																
4	<i>A. barreirensis</i> – UB36868	0,00	0,00	0,00															
5	<i>A. speciosa</i> – CEN58039	0,00	0,00	0,00	0,00														
6	<i>A. maripa</i> – CEN12546	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00													
7	<i>A. barreirensis</i> – B15	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00												
8	<i>A. barreirensis</i> – B16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00											
9	<i>A. barreirensis</i> – B17	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00										
10	<i>A. eichleri</i> – E17	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00									
11	<i>A. eichleri</i> – E18	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00								
12	<i>A. eichleri</i> – E19	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00							
13	<i>A. funifera</i> – 7	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00						
14	<i>A. maripa</i> – 10	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00					
15	<i>A. maripa</i> – 15	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00				
16	<i>A. phalerata</i> – P12	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00			
17	<i>A. phalerata</i> – P30	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00		
18	<i>A. phalerata</i> – P36	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	
19	<i>A. speciosa</i> – S5	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
20	<i>A. speciosa</i> – S4	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
21	<i>A. allenii</i> – AJ404829.1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
22	<i>A. butyracea</i> – JQ590420.1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
23	<i>A. rostrata</i> – GQ981675.1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
24	<i>A. teixeirana</i> – hib – BA1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
25	<i>A. teixeirana</i> – hib – BA4	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
26	<i>A. teixeirana</i> – hib – BA39	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
27	<i>A. teixeirana</i> – hib – CT01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
28	<i>A. teixeirana</i> – hib – CT02	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
29	<i>A. teixeirana</i> – hib – CT20	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
30	<i>A. teixeirana</i> – hib – CT37	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
31	<i>A. teixeirana</i> – hib – CT22	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
32	<i>A. teixeirana</i> – hib – CT38	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
33	<i>A. speciosa</i> – CT47	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
34	<i>A. eichleri</i> – ES22	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
35	<i>Cocos nucifera</i> – AY012507.1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00

**Continuação da Tabela 17.** Continuação das estimativas de distâncias par a par entre as sequências de *Attalea* geradas para o marcador *rbcl* (Kimura 2P)

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	
1	<i>A. eichleri</i> – UB1091																		
2	<i>A. phalerata</i> – UB238	0,00																	
3	<i>A. speciosa</i> – UB10110	0,00	0,00																
4	<i>A. barreirensis</i> – UB36868	0,00	0,00	0,00															
5	<i>A. speciosa</i> – CEN58039	0,00	0,00	0,00	0,00														
6	<i>A. maripa</i> – CEN12546	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00													
7	<i>A. barreirensis</i> – B15	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00												
8	<i>A. barreirensis</i> – B16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00											
9	<i>A. barreirensis</i> – B17	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00										
10	<i>A. eichleri</i> – E17	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00									
11	<i>A. eichleri</i> – E18	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00								
12	<i>A. eichleri</i> – E19	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00							
13	<i>A. funifera</i> – 7	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00						
14	<i>A. maripa</i> – 10	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00					
15	<i>A. maripa</i> – 15	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00				
16	<i>A. phalerata</i> – P12	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00			
17	<i>A. phalerata</i> – P30	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00		
18	<i>A. phalerata</i> – P36	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	
19	<i>A. speciosa</i> – S5	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
20	<i>A. speciosa</i> – S4	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
21	<i>A. allenii</i> – AJ404829.1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
22	<i>A. butyracea</i> – JQ590420.1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
23	<i>A. rostrata</i> – GQ981675.1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
24	<i>A. teixeirana</i> – hib – BA1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
25	<i>A. teixeirana</i> – hib – BA4	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
26	<i>A. teixeirana</i> – hib – BA39	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
27	<i>A. teixeirana</i> – hib – CT01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
28	<i>A. teixeirana</i> – hib – CT02	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
29	<i>A. teixeirana</i> – hib – CT20	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
30	<i>A. teixeirana</i> – hib – CT37	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
31	<i>A. teixeirana</i> – hib – CT22	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
32	<i>A. teixeirana</i> – hib – CT38	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
33	<i>A. speciosa</i> – CT47	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
34	<i>A. eichleri</i> – ES22	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
35	<i>Cocos nucifera</i> – AY012507.1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00

Continuação da Tabela 17. Estimativas de distâncias par a par entre as sequências de *Attalea* geradas para o marcador *rbcL* (Kimura 2P)

	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35
1 <i>A. eichleri</i> – UB1091																	
2 <i>A. phalerata</i> – UB238																	
3 <i>A. speciosa</i> – UB10110																	
4 <i>A. barreirensis</i> – UB36868																	
5 <i>A. speciosa</i> – CEN58039																	
6 <i>A. maripa</i> – CEN12546																	
7 <i>A. barreirensis</i> – B15																	
8 <i>A. barreirensis</i> – B16																	
9 <i>A. barreirensis</i> – B17																	
10 <i>A. eichleri</i> – E17																	
11 <i>A. eichleri</i> – E18																	
12 <i>A. eichleri</i> – E19																	
13 <i>A. funifera</i> – 7																	
14 <i>A. maripa</i> – 10																	
15 <i>A. maripa</i> – 15																	
16 <i>A. phalerata</i> – P12																	
17 <i>A. phalerata</i> – P30																	
18 <i>A. phalerata</i> – P36																	
19 <i>A. speciosa</i> – S5																	
20 <i>A. speciosa</i> – S4	0,00																
21 <i>A. allenii</i> – AJ404829.1	0,00	0,00															
22 <i>A. butyracea</i> – JQ590420.1	0,00	0,00	0,00														
23 <i>A. rostrata</i> – GQ981675.1	0,00	0,00	0,00	0,00													
24 <i>A. teixeirana</i> – hib – BA1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00												
25 <i>A. teixeirana</i> – hib – BA4	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00											
26 <i>A. teixeirana</i> – hib – BA39	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00										
27 <i>A. teixeirana</i> – hib – CT01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00									
28 <i>A. teixeirana</i> – hib – CT02	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00								
29 <i>A. teixeirana</i> – hib – CT20	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00							
30 <i>A. teixeirana</i> – hib – CT37	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00						
31 <i>A. teixeirana</i> – hib – CT22	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00					
32 <i>A. teixeirana</i> – hib – CT38	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00				
33 <i>A. speciosa</i> – CT47	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00			
34 <i>A. eichleri</i> – ES22	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00		
35 <i>Cocos nucifera</i> – AY012507.1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00

**Tabela 18.** Estimativa de distâncias par a par entre as sequências de *Attalea* geradas para o marcador *matK* (Kimura 2P)

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18
1	<i>A. eichleri</i> – UB1091																	
2	<i>A. phalerata</i> – UB238	0,00																
3	<i>A. speciosa</i> – UB10110	0,00	0,00															
4	<i>A. vitrivir</i> – CEN10759	0,00	0,00	0,00														
5	<i>A. barreirensis</i> – B15	0,00	0,00	0,00	0,00													
6	<i>A. barreirensis</i> – B16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00												
7	<i>A. barreirensis</i> – B17	0,00	0,01	0,01	0,00	0,00	0,00											
8	<i>A. eichleri</i> – E18	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00										
9	<i>A. eichleri</i> – E19	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00									
10	<i>A. funifera</i> – 7	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00								
11	<i>A. funifera</i> – 10	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00							
12	<i>A. funifera</i> – 25	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00						
13	<i>A. maripa</i> –10	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00					
14	<i>A. maripa</i> –15	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00				
15	<i>A. maripa</i> – 16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00			
16	<i>A. phalerata</i> – P30	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00		
17	<i>A. phalerata</i> – P36	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	
18	<i>A. speciosa</i> – S4	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
19	<i>A. speciosa</i> – S17	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
20	<i>A. phalerata</i> – HQ265548.1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
21	<i>A. butyracea</i> – JQ586691.1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
22	<i>A. rostrata</i> – GQ981943.1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
23	<i>A. butyracea</i> – JQ586691.1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
24	<i>A. allenii</i> – AM114636.1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
25	<i>A. teixeirana</i> – hib – BA1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
26	<i>A. teixeirana</i> – hib – BA39	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
27	<i>A. teixeirana</i> – hib – CT01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
28	<i>A. teixeirana</i> – hib – CT02	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
29	<i>A. teixeirana</i> – hib – CT22	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
30	<i>A. teixeirana</i> – hib – CT37	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
31	<i>A. teixeirana</i> – hib – CT38	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
32	<i>A. speciosa</i> – CT46	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
33	<i>A. speciosa</i> – CT47	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
34	<i>A. teixeirana</i> – hib – LA19	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
35	<i>Cocos nucifera</i> – HQ265564.1	0,01	0,00	0,00	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01

Continuação da Tabela 18. Estimativa de distâncias par a par entre as sequências de *Attalea* geradas para o marcador *matK* (Kimura 2P)

	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35
1	<i>A. eichleri</i> – UB1091																
2	<i>A. phalerata</i> – UB238																
3	<i>A. speciosa</i> – UB10110																
4	<i>A. vitrivir</i> – CEN10759																
5	<i>A. barreirensis</i> – B15																
6	<i>A. barreirensis</i> – B16																
7	<i>A. barreirensis</i> – B17																
8	<i>A. eichleri</i> – E18																
9	<i>A. eichleri</i> – E19																
10	<i>A. funifera</i> – 7																
11	<i>A. funifera</i> – 10																
12	<i>A. funifera</i> – 25																
13	<i>A. maripa</i> – 10																
14	<i>A. maripa</i> – 15																
15	<i>A. maripa</i> – 16																
16	<i>A. phalerata</i> – P30																
17	<i>A. phalerata</i> – P36																
18	<i>A. speciosa</i> – S4																
19	<i>A. speciosa</i> – S17																
20	<i>A. phalerata</i> – HQ265548.1	0,00															
21	<i>A. butyracea</i> – JQ586691.1	0,00	0,00														
22	<i>A. rostrata</i> – GQ981943.1	0,00	0,00	0,00													
23	<i>A. butyracea</i> – JQ586691.1	0,00	0,00	0,00	0,00												
24	<i>A. allenii</i> – AM114636.1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00											
25	<i>A. teixeirana</i> – hib – BA1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00										
26	<i>A. teixeirana</i> – hib – BA39	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00									
27	<i>A. teixeirana</i> – hib – CT01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00								
28	<i>A. teixeirana</i> – hib – CT02	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00							
29	<i>A. teixeirana</i> – hib – CT22	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00						
30	<i>A. teixeirana</i> – hib – CT37	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00					
31	<i>A. teixeirana</i> – hib – CT38	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00				
32	<i>A. speciosa</i> – CT46	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00			
33	<i>A. speciosa</i> – CT47	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00		
34	<i>A. teixeirana</i> – hib – LA19	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	
35	<i>Cocos nucifera</i> – HQ265564.1	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00

**Tabela19.** Estimativa de distâncias par a par entre as sequências de *Attalea* geradas para o marcador *trnL* (Kimura 2P)

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
1 <i>A. barreirensis</i> – B15															
2 <i>A. barreirensis</i> – B16	0,00														
3 <i>A. eichleri</i> – E18	0,00	0,00													
4 <i>A. eichleri</i> – E19	0,00	0,00	0,00												
5 <i>A. maripa</i> – 15	0,00	0,00	0,00	0,00											
6 <i>A. phalerata</i> – P12	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00										
7 <i>A. phalerata</i> – P30	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00									
8 <i>A. phalerata</i> – P36	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00								
9 <i>A. speciosa</i> – S4	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00							
10 <i>A. speciosa</i> – S5	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00						
11 <i>A. speciosa</i> – S17	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00					
12 <i>A. barreirensis</i> – UB36868	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00				
13 <i>A. barreirensis</i> – CEN52072	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00			
14 <i>A. eichleri</i> – UB1091	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00		
15 <i>A. phalerata</i> – UB238	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	
16 <i>A. speciosa</i> – UB10110	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
17 <i>A. vitrivir</i> – CEN10759	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
18 <i>A. barreirensis</i> – B17	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
19 <i>A. crassispatha</i> – AJ241321.1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
20 <i>A. phalerata</i> – HQ265783.1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
21 <i>A. allenii</i> – AJ241312.1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
22 <i>A. teixeirana</i> – hib – BA1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
23 <i>A. teixeirana</i> – hib – CT01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
24 <i>A. teixeirana</i> – hib – CT02	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
25 <i>A. eichleri</i> – hib – CT07	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
26 <i>A. teixeirana</i> – hib – CT20	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
27 <i>A. teixeirana</i> – hib – CT22	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
28 <i>A. teixeirana</i> – hib – CT37	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
29 <i>A. speciosa</i> – hib – CT46	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
30 <i>A. speciosa</i> – hib – CT47	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
31 <i>Cocos nucifera</i> – AM113647.1	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01

**Continuação da Tabela 19.** Estimativa de distâncias par a par entre as sequências de *Attalea* geradas para o marcador *trnL* (Kimura 2P)

	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31
1 <i>A. barreirensis</i> – B15																
2 <i>A. barreirensis</i> – B16																
3 <i>A. eichleri</i> – E18																
4 <i>A. eichleri</i> – E19																
5 <i>A. maripa</i> – 15																
6 <i>A. phalerata</i> – P12																
7 <i>A. phalerata</i> – P30																
8 <i>A. phalerata</i> – P36																
9 <i>A. speciosa</i> – S4																
10 <i>A. speciosa</i> – S5																
11 <i>A. speciosa</i> – S17																
12 <i>A. barreirensis</i> – UB36868																
13 <i>A. barreirensis</i> – CEN52072																
14 <i>A. eichleri</i> – UB1091																
15 <i>A. phalerata</i> – UB238																
16 <i>A. speciosa</i> – UB10110																
17 <i>A. vitrivir</i> – CEN10759	0,00															
18 <i>A. barreirensis</i> – B17	0,00	0,00														
19 <i>A. crassipatha</i> – AJ241321.1	0,00	0,00	0,00													
20 <i>A. phalerata</i> – HQ265783.1	0,00	0,00	0,00	0,00												
21 <i>A. allenii</i> – AJ241312.1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00											
22 <i>A. teixeirana</i> – hib – BA1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00										
23 <i>A. teixeirana</i> – hib – CT01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00									
24 <i>A. teixeirana</i> – hib – CT02	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00								
25 <i>A. eichleri</i> – hib – CT07	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00							
26 <i>A. teixeirana</i> – hib – CT20	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00						
27 <i>A. teixeirana</i> – hib – CT22	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00					
28 <i>A. teixeirana</i> – hib – CT37	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00				
29 <i>A. speciosa</i> – hib – CT46	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00			
30 <i>A. speciosa</i> – hib – CT47	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00		
31 <i>Cocos nucifera</i> – AM113647.1	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,00	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01

**Tabela 20.** Estimativa de distâncias par a par entre as sequências de *Attalea* geradas para o marcador *psbA-trnH* (Kimura 2P)

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
1 <i>A. barreirensis</i> – B16															
2 <i>A. barreirensis</i> – B17	0,00														
3 <i>A. eichleri</i> – E18	0,00	0,00													
4 <i>A. eichleri</i> – E17	0,00	0,00	0,01												
5 <i>A. funifera</i> – 7	0,00	0,00	0,00	0,01											
6 <i>A. funifera</i> – 15	0,01	0,00	0,01	0,01	0,00										
7 <i>A. maripa</i> – 12	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00									
8 <i>A. speciosa</i> – S4	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00								
9 <i>A. speciosa</i> – S5	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00							
10 <i>A. speciosa</i> – S17	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00						
11 <i>A. phalerata</i> – P12	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00					
12 <i>A. phalerata</i> – P36	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00				
13 <i>A. vitrivir</i> – 2BM	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00			
14 <i>A. vitrivir</i> – 1BM	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00		
15 <i>A. vitrivir</i> – 2M1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	
16 <i>A. vitrivir</i> – 1M1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
17 <i>A. eichleri</i> – UB1091	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
18 <i>A. vitrivir</i> – CEN10759	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
19 <i>A. phalerata</i> – UB238	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
20 <i>A. speciosa</i> – UB10110	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
21 <i>A. barreirensis</i> – UB36868	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
22 <i>A. teixeirana</i> – hib – BA1	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
23 <i>A. teixeirana</i> – hib – BA4	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
24 <i>A. teixeirana</i> – hib – CT01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
25 <i>A. teixeirana</i> – hib – CT37	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
26 <i>A. speciosa</i> – CT47	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
27 <i>A. teixeirana</i> – hib – FZ12	0,01	0,00	0,01	0,01	0,01	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,01	0,00	0,00	0,00
28 <i>A. teixeirana</i> – hib – CT02	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,02	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
29 <i>A. eichleri</i> – CT07	0,01	0,00	0,01	0,01	0,01	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,01	0,00	0,00	0,00
30 <i>A. teixeirana</i> – hib – CT20	0,01	0,00	0,01	0,01	0,01	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,01	0,00	0,00	0,00
31 <i>Cocos nucifera</i> – GQ435464.1	0,03	0,03	0,03	0,03	0,02	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,02	0,02	0,03	0,03	0,03

**Continuação da Tabela 20.** Estimativa de distâncias par a par entre as sequências de *Attalea* geradas para o marcador *psbA-trnH* (Kimura 2P)

	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31
1 <i>A. barreirensis</i> – B16																
2 <i>A. barreirensis</i> – B17																
3 <i>A. eichleri</i> – E18																
4 <i>A. eichleri</i> – E17																
5 <i>A. funifera</i> – 7																
6 <i>A. funifera</i> – 15																
7 <i>A. maripa</i> – 12																
8 <i>A. speciosa</i> – S4																
9 <i>A. speciosa</i> – S5																
10 <i>A. speciosa</i> – S17																
11 <i>A. phalerata</i> – P12																
12 <i>A. phalerata</i> – P36																
13 <i>A. vitrivir</i> – 2BM																
14 <i>A. vitrivir</i> – 1BM																
15 <i>A. vitrivir</i> – 2M1																
16 <i>A. vitrivir</i> – 1M1																
17 <i>A. eichleri</i> – UB1091	0,00															
18 <i>A. vitrivir</i> – CEN10759	0,00	0,00														
19 <i>A. phalerata</i> – UB238	0,00	0,00	0,00													
20 <i>A. speciosa</i> – UB10110	0,00	0,00	0,00	0,00												
21 <i>A. barreirensis</i> – UB36868	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00											
22 <i>A. teixeirana</i> – hīb – BA1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00										
23 <i>A. teixeirana</i> – hīb – BA4	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01									
24 <i>A. teixeirana</i> – hīb – CT01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01								
25 <i>A. teixeirana</i> – hīb – CT37	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00						
26 <i>A. speciosa</i> – CT47	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00					
27 <i>A. teixeirana</i> – hīb – FZ12	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00				
28 <i>A. teixeirana</i> – hīb – CT02	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00			
29 <i>A. eichleri</i> – CT07	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01		
30 <i>A. teixeirana</i> – hīb – CT20	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	
31 <i>Cocos nucifera</i> – GQ435464.1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,01	0,01	0,00	0,00	0,00	0,01	0,02	0,01	

**Tabela 21.** Estimativa de distâncias par a par entre as sequências de *Attalea* geradas para o marcador ITS (Kimura 2P)

		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19
1	<i>A. speciosa</i> – S4																			
2	<i>A. speciosa</i> – S5	0,00																		
3	<i>A. speciosa</i> – S17	0,00	0,00																	
4	<i>A. eichleri</i> – E19	0,00	0,00	0,00																
5	<i>A. eichleri</i> – E18	0,00	0,00	0,00	0,00															
6	<i>A. vitrivir</i> – 2M1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01														
7	<i>A. vitrivir</i> – 1BM	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00													
8	<i>A. vitrivir</i> – 2BM	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00												
9	<i>A. vitrivir</i> – 1M1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00											
10	<i>A. funifera</i> – 11	0,10	0,10	0,10	0,10	0,11	0,11	0,11	0,10	0,11										
11	<i>A. phalerata</i> – P30	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,09									
12	<i>A. barreirensis</i> – B6	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,02	0,10								
13	<i>A. barreirensis</i> – B8	0,10	0,10	0,10	0,10	0,11	0,11	0,11	0,10	0,11	0,01	0,09	0,02							
14	<i>A. barreirensis</i> – B5	0,11	0,11	0,11	0,11	0,12	0,12	0,12	0,11	0,12	0,01	0,10	0,02	0,02						
15	<i>A. barreirensis</i> – B4	0,12	0,12	0,12	0,12	0,12	0,12	0,12	0,12	0,12	0,05	0,11	0,05	0,05	0,06					
16	<i>A. barreirensis</i> – B7	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,00	0,10	0,02	0,01	0,00	0,05				
17	<i>A. barreirensis</i> – B1	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,01	0,10	0,02	0,02	0,01	0,05	0,00			
18	<i>A. barreirensis</i> – UB36868	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,00	0,10	0,02	0,01	0,00	0,05	0,00	0,00		
19	<i>Cocos nucifera</i> – HQ265515.1	0,18	0,18	0,18	0,18	0,18	0,18	0,18	0,18	0,18	0,27	0,18	0,27	0,28	0,28	0,27	0,28	0,27	0,28	

**Tabela 22.** Estimativa de distâncias par a par entre as sequências de *Attalea* geradas para o marcador PRK (Kimura 2P)

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25
1 <i>A. barreirensis</i> – B1																									
2 <i>A. barreirensis</i> – B2	0,01																								
3 <i>A. barreirensis</i> – B3	0,02	0,02																							
4 <i>A. barreirensis</i> – B4	0,01	0,01	0,01																						
5 <i>A. barreirensis</i> – B5	0,02	0,02	0,00	0,01																					
6 <i>A. barreirensis</i> – B6	0,02	0,02	0,00	0,01	0,00																				
7 <i>A. barreirensis</i> – B7	0,01	0,01	0,01	0,00	0,01	0,01																			
8 <i>A. barreirensis</i> – B8	0,02	0,03	0,01	0,02	0,01	0,00	0,02																		
9 <i>A. barreirensis</i> – B9	0,02	0,02	0,00	0,01	0,00	0,00	0,01	0,01																	
10 <i>A. barreirensis</i> – B10	0,01	0,01	0,01	0,00	0,01	0,02	0,00	0,02	0,02																
11 <i>A. barreirensis</i> – B11	0,01	0,01	0,02	0,01	0,02	0,02	0,01	0,02	0,01	0,01															
12 <i>A. barreirensis</i> – B12	0,01	0,00	0,03	0,01	0,03	0,03	0,01	0,03	0,02	0,01	0,01														
13 <i>A. funifera</i> – 1	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,04	0,03	0,03	0,04	0,04													
14 <i>A. funifera</i> – 2	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,04	0,03	0,03	0,04	0,04	0,00												
15 <i>A. funifera</i> – 3	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,04	0,03	0,03	0,04	0,04	0,00	0,00											
16 <i>A. funifera</i> – 4	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,04	0,00	0,00	0,00										
17 <i>A. funifera</i> – 5	0,03	0,04	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,00	0,00	0,00	0,00									
18 <i>A. funifera</i> – 6	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,04	0,03	0,03	0,04	0,04	0,01	0,01	0,01	0,00	0,01								
19 <i>A. funifera</i> – 8	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,04	0,03	0,03	0,04	0,04	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01							
20 <i>A. funifera</i> – 9	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,04	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00						
21 <i>A. funifera</i> – 10	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,04	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00					
22 <i>A. funifera</i> – 12	0,03	0,04	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,04	0,04	0,04	0,03	0,04	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00				
23 <i>A. maripa</i> – 1	0,01	0,02	0,01	0,02	0,01	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,02	0,03	0,03		
24 <i>A. maripa</i> – 4	0,01	0,02	0,01	0,02	0,01	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,00	
25 <i>A. maripa</i> – 5	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,00	0,01
26 <i>A. maripa</i> – 6	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,01	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,02	0,03	0,03	0,00	0,01
27 <i>A. maripa</i> – 7	0,01	0,02	0,01	0,02	0,01	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,02	0,03	0,03	0,00	0,00
28 <i>A. cohune</i> – AY601239.1	0,01	0,02	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,03	0,03	0,03	0,02	0,03	0,03	0,03	0,03	0,02	0,02	0,03	0,01	0,01
29 <i>A. cuatrecasana</i> – AY601241.1	0,01	0,02	0,01	0,02	0,01	0,01	0,02	0,02	0,01	0,02	0,02	0,02	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,01	0,01
30 <i>A. oleifera</i> – AY601238.1	0,02	0,03	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02

Continuação da Tabela 22. Estimativa de distâncias par a par entre as sequências de *Attalea* geradas para o marcador PRK (Kimura 2P)

	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50
1	<i>A. barreirensis</i> – B1																								
2	<i>A. barreirensis</i> – B2																								
3	<i>A. barreirensis</i> – B3																								
4	<i>A. barreirensis</i> – B4																								
5	<i>A. barreirensis</i> – B5																								
6	<i>A. barreirensis</i> – B6																								
7	<i>A. barreirensis</i> – B7																								
8	<i>A. barreirensis</i> – B8																								
9	<i>A. barreirensis</i> – B9																								
10	<i>A. barreirensis</i> – B10																								
11	<i>A. barreirensis</i> – B11																								
12	<i>A. barreirensis</i> – B12																								
13	<i>A. funifera</i> – 1																								
14	<i>A. funifera</i> – 2																								
15	<i>A. funifera</i> – 3																								
16	<i>A. funifera</i> – 4																								
17	<i>A. funifera</i> – 5																								
18	<i>A. funifera</i> – 6																								
19	<i>A. funifera</i> – 8																								
20	<i>A. funifera</i> – 9																								
21	<i>A. funifera</i> – 10																								
22	<i>A. funifera</i> – 12																								
23	<i>A. maripa</i> – 1																								
24	<i>A. maripa</i> – 4																								
25	<i>A. maripa</i> – 5																								
26	<i>A. maripa</i> – 6																								
27	<i>A. maripa</i> – 7																								
28		0,00																							
29		0,01	0,01																						
30		0,02	0,01	0,01																					
30		0,02	0,02	0,02	0,02																				

Continuação da Tabela 22. Estimativa de distâncias par a par entre as sequências de *Attalea* geradas para o marcador PRK (Kimura 2P)

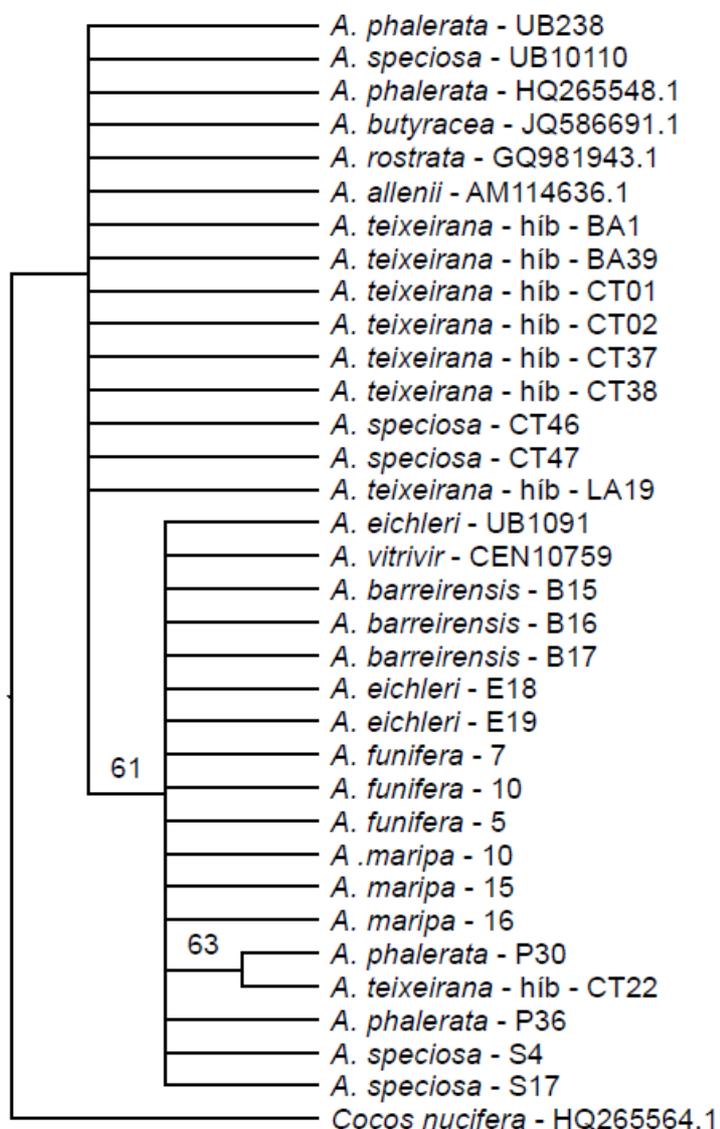
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25
31	<i>A. allenii</i> – AJ831346.1	0,01	0,02	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,03	0,03	0,03	0,02	0,03	0,03	0,03	0,02	0,02	0,03	0,01	0,01	0,01
32	<i>A. eichleri</i> – CT07	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,01	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,03	0,02	0,02	0,02	0,02	0,03	0,01	0,01	0,01
33	<i>A. teixeirana</i> – hib – CT16	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,01	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,03	0,02	0,02	0,02	0,02	0,03	0,01	0,01	0,01
34	<i>A. teixeirana</i> – hib – CT22	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,01	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,03	0,02	0,02	0,02	0,02	0,03	0,01	0,01	0,01
35	<i>A. speciosa</i> – CT46	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,01	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,03	0,02	0,02	0,02	0,02	0,03	0,01	0,01	0,01
36	<i>A. teixeirana</i> – hib – CT02	0,01	0,02	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,03	0,03	0,03	0,02	0,03	0,03	0,03	0,02	0,02	0,03	0,01	0,01	0,01
37	<i>A. vitrivir</i> – 8BM	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,01	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,03	0,02	0,02	0,02	0,02	0,03	0,01	0,01	0,01
38	<i>A. speciosa</i> – AY601245.1	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,01	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,03	0,02	0,02	0,02	0,02	0,03	0,01	0,01	0,01
39	<i>A. speciosa</i> – UB10110	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,03	0,02	0,02	0,02	0,02	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,04	0,02	0,02
40	<i>A. speciosa</i> – S6	0,01	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,01	0,01
41	<i>A. speciosa</i> – S7	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,01	0,01	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,01	0,01
42	<i>A. speciosa</i> – S9	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,01	0,01	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,01	0,01
43	<i>A. speciosa</i> – S3	0,01	0,02	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,03	0,03	0,03	0,02	0,03	0,03	0,03	0,02	0,02	0,03	0,01	0,01	0,01
44	<i>A. speciosa</i> – S4	0,03	0,04	0,03	0,03	0,03	0,04	0,03	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,03	0,03
45	<i>A. speciosa</i> – S5	0,01	0,02	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,03	0,03	0,03	0,02	0,03	0,03	0,03	0,03	0,02	0,02	0,03	0,01	0,01
46	<i>A. speciosa</i> – S8	0,01	0,02	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,03	0,03	0,03	0,02	0,03	0,03	0,03	0,02	0,02	0,03	0,01	0,01	0,01
47	<i>A. eichleri</i> – E4	0,01	0,02	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,03	0,03	0,03	0,02	0,03	0,03	0,03	0,02	0,02	0,03	0,01	0,01	0,01
48	<i>A. eichleri</i> – E11	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,01	0,01	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,01	0,01
49	<i>A. phalerata</i> – AY601240.2	0,01	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,01	0,01
50	<i>Cocos nucifera</i> – AY601235.1	0,06	0,07	0,07	0,06	0,07	0,07	0,06	0,08	0,07	0,07	0,07	0,07	0,07	0,07	0,07	0,07	0,07	0,07	0,07	0,07	0,07	0,07	0,08	0,07	0,07

Continuação da Tabela 22. Estimativa de distâncias par a par entre as sequências de *Attalea* geradas para o marcador PRK (Kimura 2P)

		26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50		
31	<i>A. allenii</i> – AJ831346.1	0,01	0,01	0,00	0,01	0,02																						
32	<i>A. eichleri</i> – CT07	0,01	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01																					
33	<i>A. teixeirana</i> – hib – CT16	0,01	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,00																				
34	<i>A. teixeirana</i> – hib – CT22	0,01	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,00	0,00																			
35	<i>A. speciosa</i> – CT46	0,01	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,00	0,00	0,00																		
36	<i>A. teixeirana</i> – hib – CT02	0,01	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,00	0,01	0,00	0,00																	
37	<i>A. vitrivir</i> – 8BM	0,01	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00																
38	<i>A. speciosa</i> – AY601245.1	0,01	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00															
39	<i>A. speciosa</i> – UB10110	0,02	0,02	0,02	0,02	0,03	0,02	0,01	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,01														
40	<i>A. speciosa</i> – S6	0,02	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,02													
41	<i>A. speciosa</i> – S7	0,01	0,01	0,00	0,01	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,01												
42	<i>A. speciosa</i> – S9	0,01	0,01	0,00	0,01	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,01	0,00											
43	<i>A. speciosa</i> – S3	0,01	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,00	0,00										
44	<i>A. speciosa</i> – S4	0,04	0,03	0,03	0,03	0,04	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,04	0,03	0,03	0,03	0,03									
45	<i>A. speciosa</i> – S5	0,01	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,00	0,00	0,01	0,03								
46	<i>A. speciosa</i> – S8	0,01	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,00	0,00	0,01	0,03	0,00							
47	<i>A. eichleri</i> – E4	0,01	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,02	0,01	0,00	0,00	0,01	0,03	0,01	0,01						
48	<i>A. eichleri</i> – E11	0,01	0,01	0,00	0,01	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,01	0,00	0,00	0,00	0,03	0,00	0,00	0,00					
49	<i>A. phalerata</i> – AY601240.2	0,02	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,01	0,01	0,01	0,03	0,01	0,01	0,01	0,01				
50	<i>Cocos nucifera</i> – AY601235.1	0,07	0,07	0,06	0,06	0,07	0,06	0,06	0,06	0,06	0,06	0,06	0,06	0,06	0,07	0,06	0,06	0,06	0,06	0,09	0,06	0,06	0,06	0,06	0,06	0,06	0,06	0,06

Anexo IV. Árvores de MP e MV

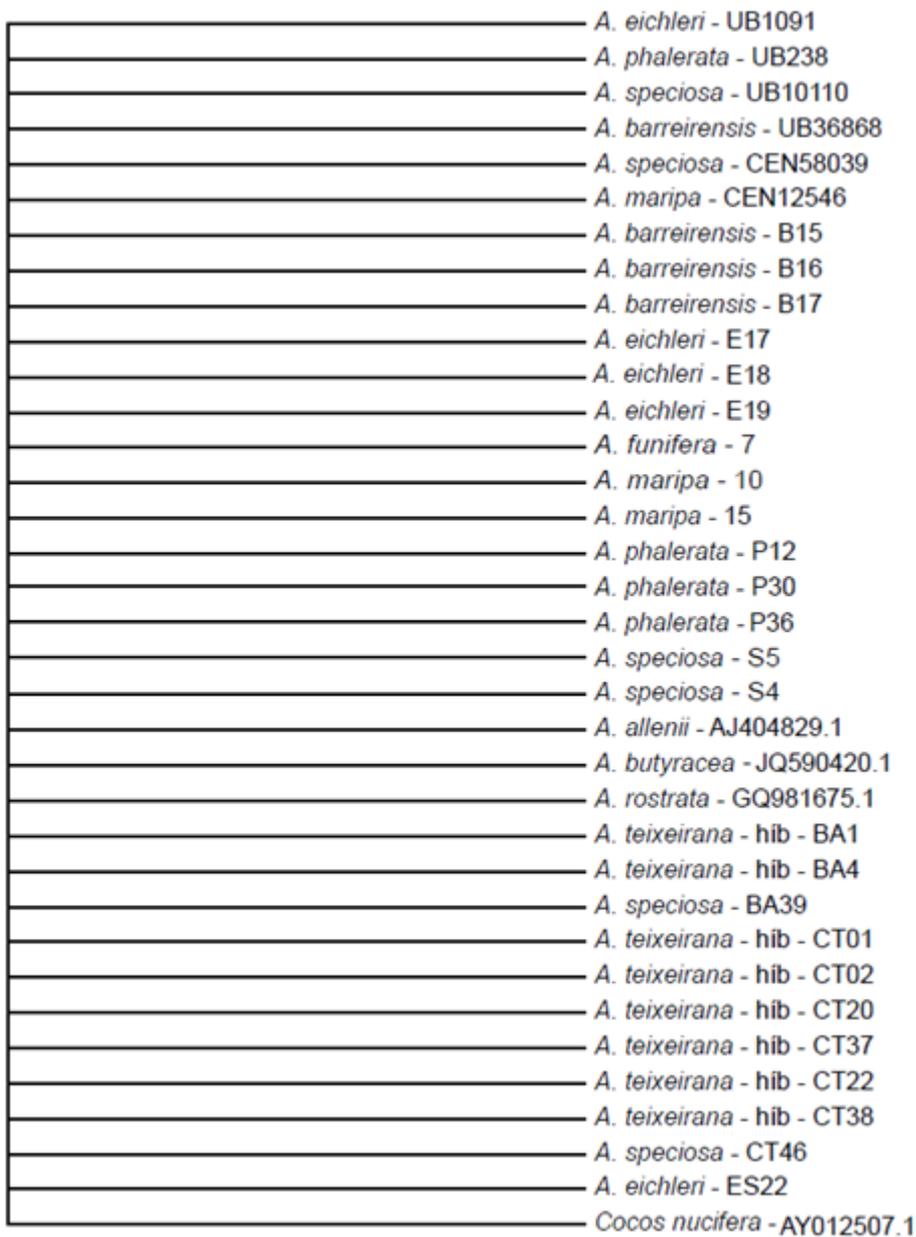
*matK* - MP



0.3

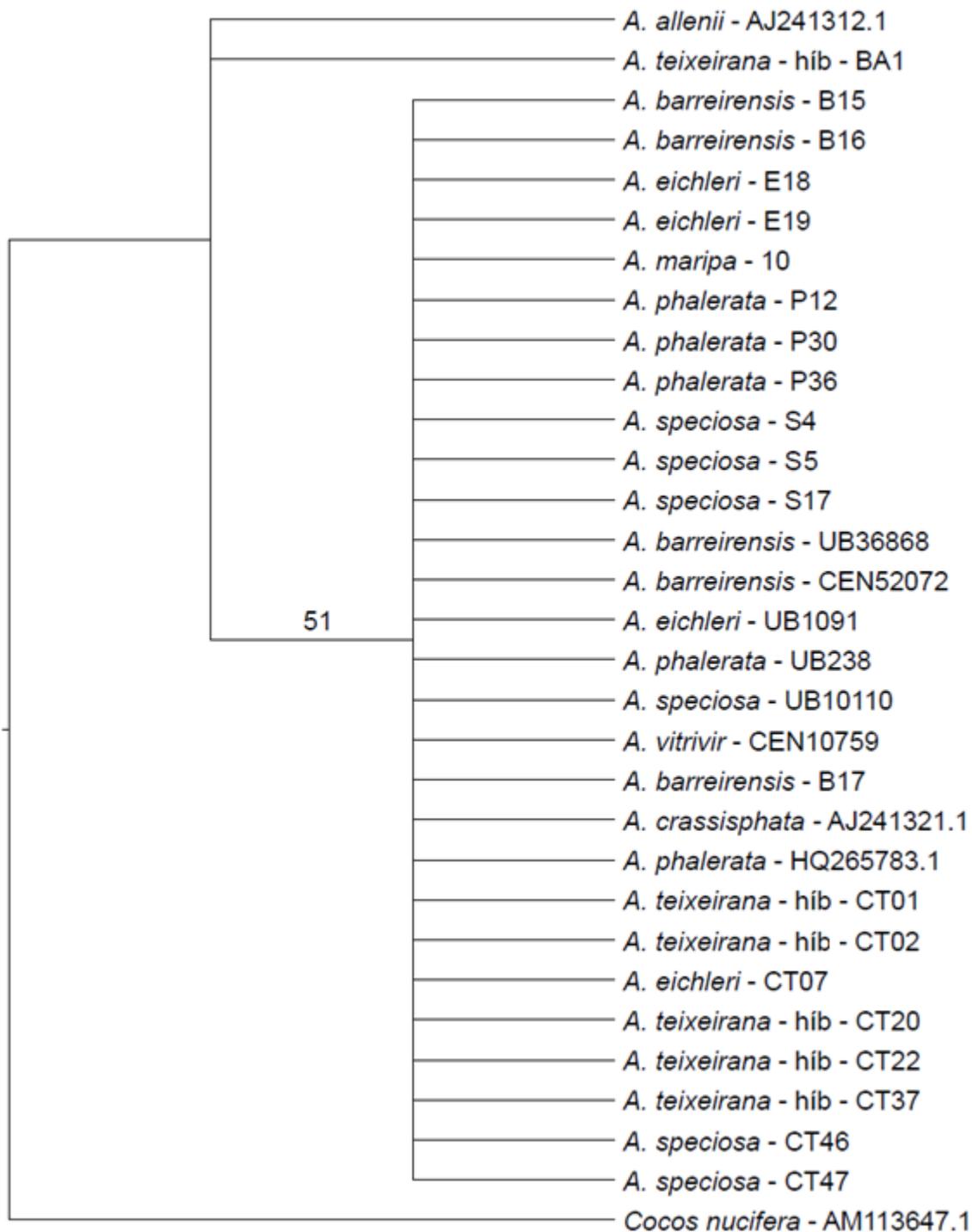
**Figura 32.** Árvore filogenética de Máxima Parcimônia gerada a partir de sequências do gene *matK*, mostrando relações entre espécies do gênero *Attalea*. O valores de *bootstrap* significativos (maior que 50%) estão representados nos nós. *Cocos nucifera* (HQ265564.1) foi utilizado como *outgroup*. As árvores de consenso de *bootstrap* foram inferidas a partir de 1.000 repetições.

*rbcL* - MP



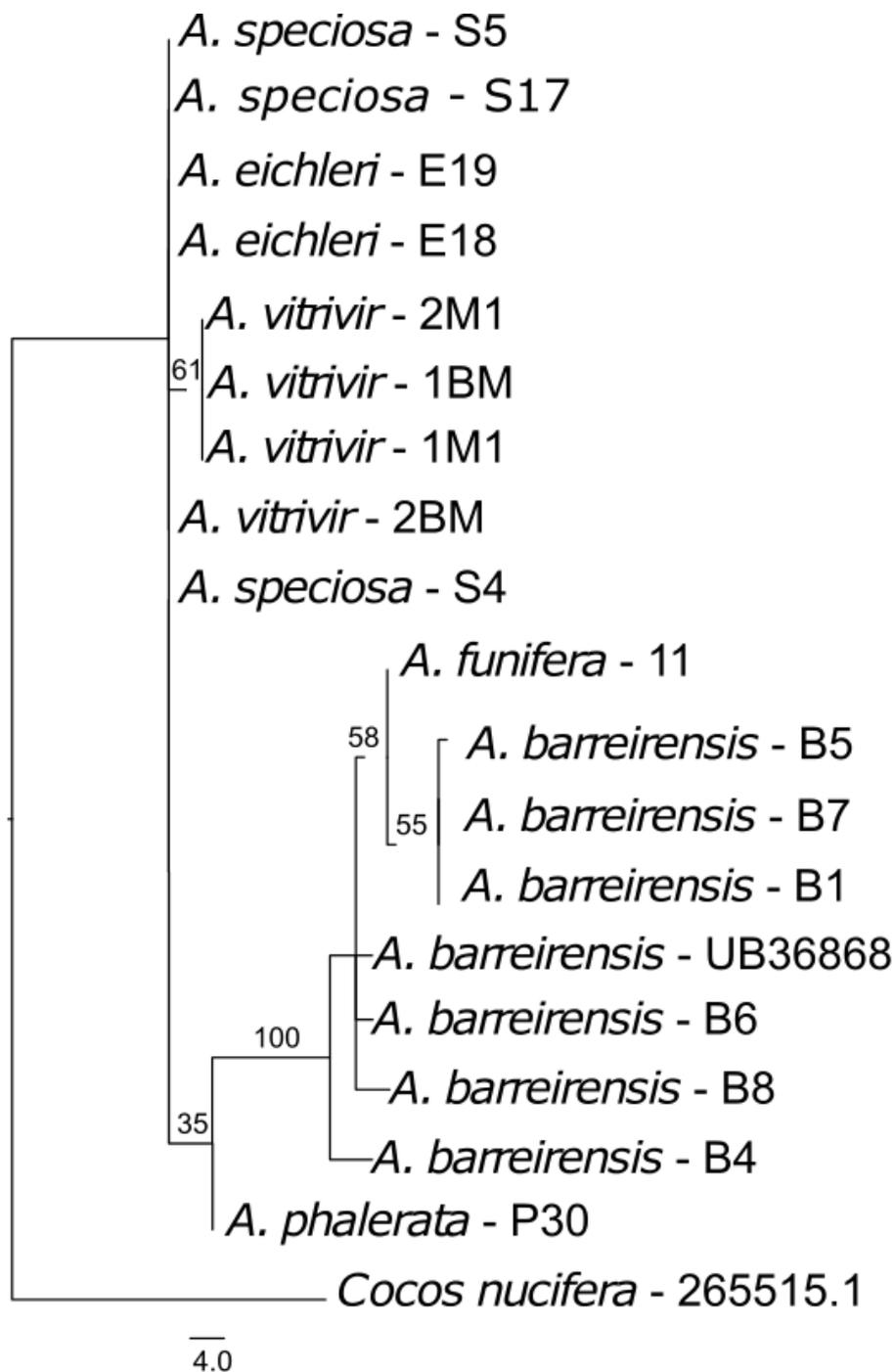
**Figura 33.** Árvore filogenética de Máxima Parcimônia gerada a partir de sequências do gene *rbcL*, mostrando relações entre espécies do gênero *Attalea*. O valores de *bootstrap* significativos (maior que 50%) estão representados nos nós. *Cocos nucifera* (AY012507.1) foi utilizado como *outgroup*. As árvores de consenso de *bootstrap* foram inferidas a partir de 1.000 repetições.

*trnL* - MP



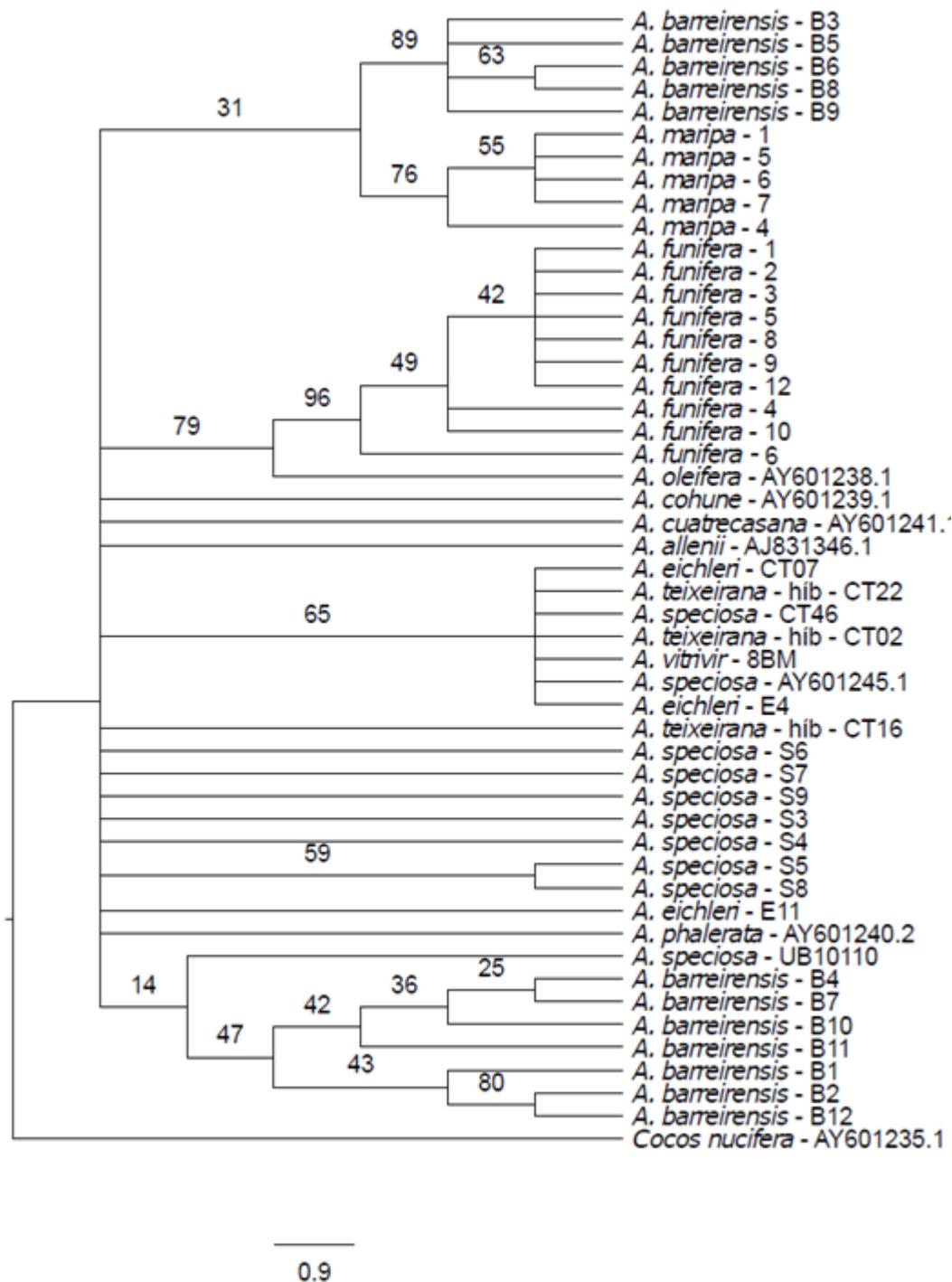
**Figura 34.** Árvore filogenética de Máxima Parcimônia gerada a partir de seqüências do gene *trnL*, mostrando relações entre espécies do gênero *Attalea*. O valores de *bootstrap* significativos (maior que 50%) estão representados nos nós. *Cocos nucifera* (AM113647.1) foi utilizado como *outgroup*. As árvores de consenso de *bootstrap* foram inferidas a partir de 1.000 repetições.

ITS - MP



**Figura 35.** Árvore filogenética de Máxima Parcimônia gerada a partir de seqüências do gene ITS, mostrando relações entre espécies do gênero *Attalea*. O valores de *bootstrap* significativos (maior que 50%) estão representados nos nós. *Cocos nucifera* (HQ265515.1) foi utilizado como *outgroup*. As árvores de consenso de *bootstrap* foram inferidas a partir de 1.000 repetições.

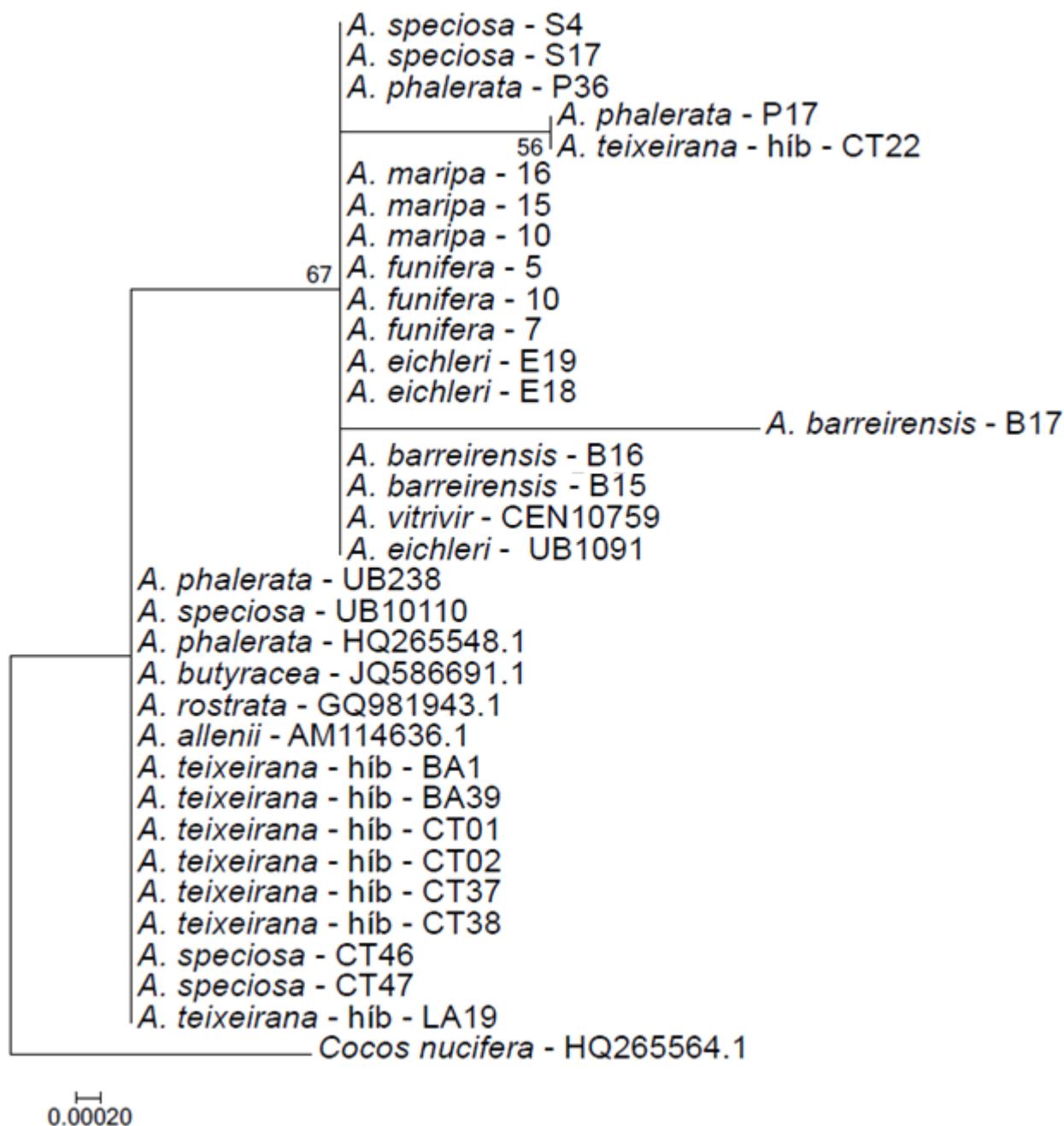
PRK - MP



**Figura 36.** Árvore filogenética de Máxima Parcimônia gerada a partir de sequências do gene PRK, mostrando relações entre espécies do gênero *Attalea*. O valores de *bootstrap* significativos (maior que 50%) estão representados nos nós. *Cocos nucifera* (AY601235.1) foi utilizado como *outgroup*. As árvores de consenso de *bootstrap* foram inferidas a partir de 1.000 repetições.

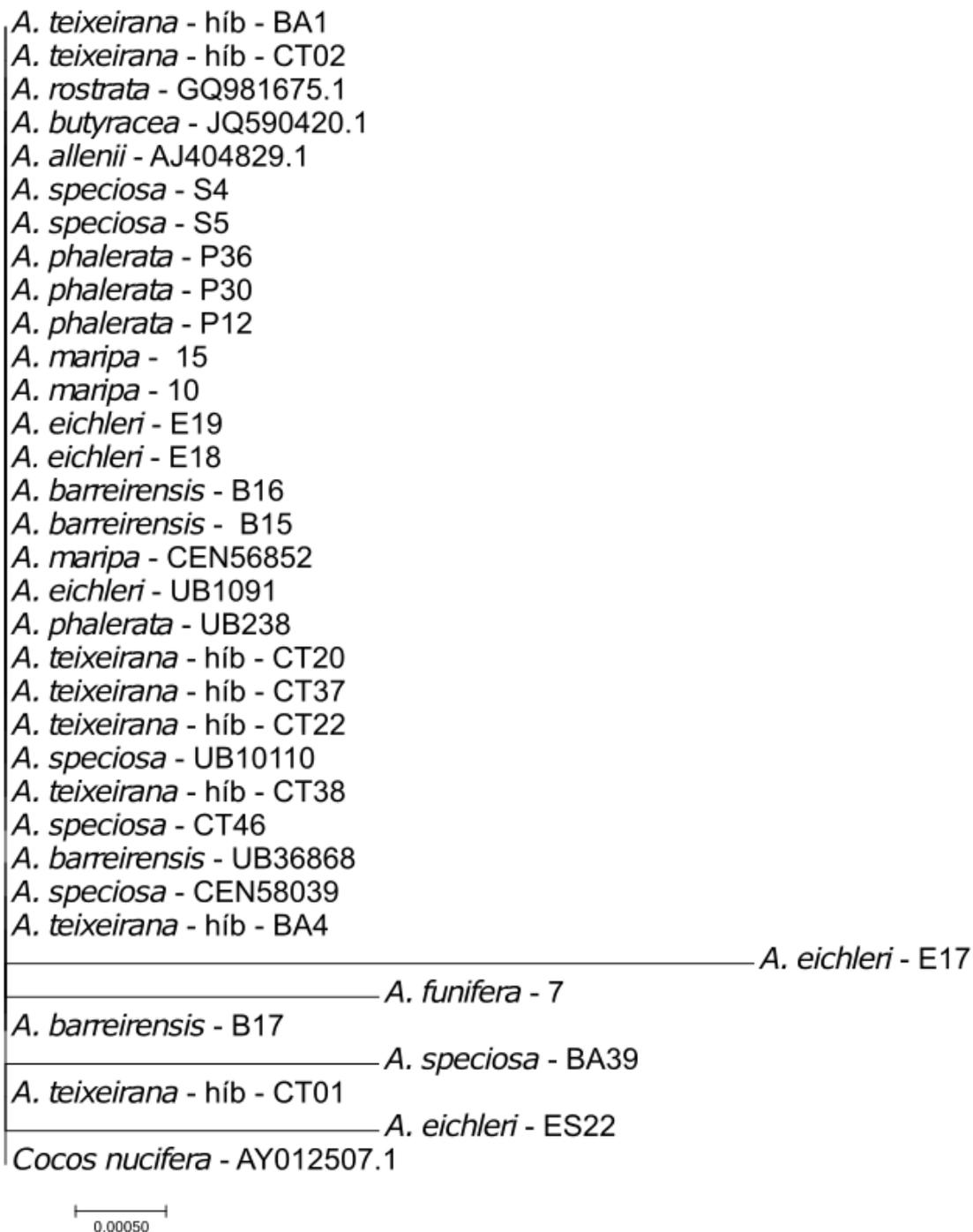
Anexo IV – Árvores de MV

*matK* - MV



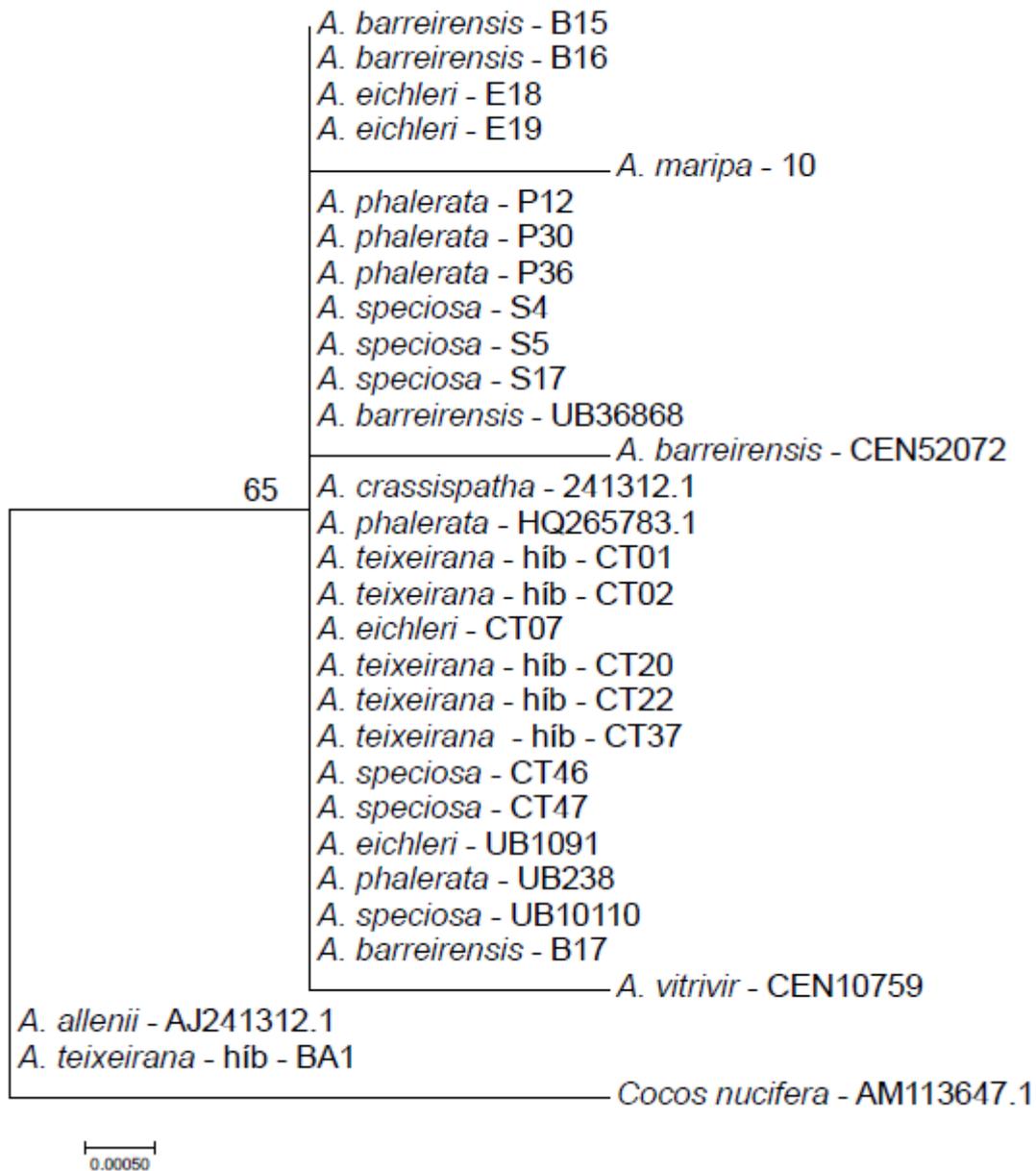
**Figura 37.** Árvore filogenética de Máxima Verossimilhança inferida a partir de sequências do gene *matK*, mostrando relações entre algumas espécies do gênero *Attalea*. Os valores significativos (maior que 50%) de bootstrap (1.000 repetições) estão representados na na árvore. *Cocos nucifera* (HQ265564.1) foi utilizado como *outgroup*.

rbcL – MV

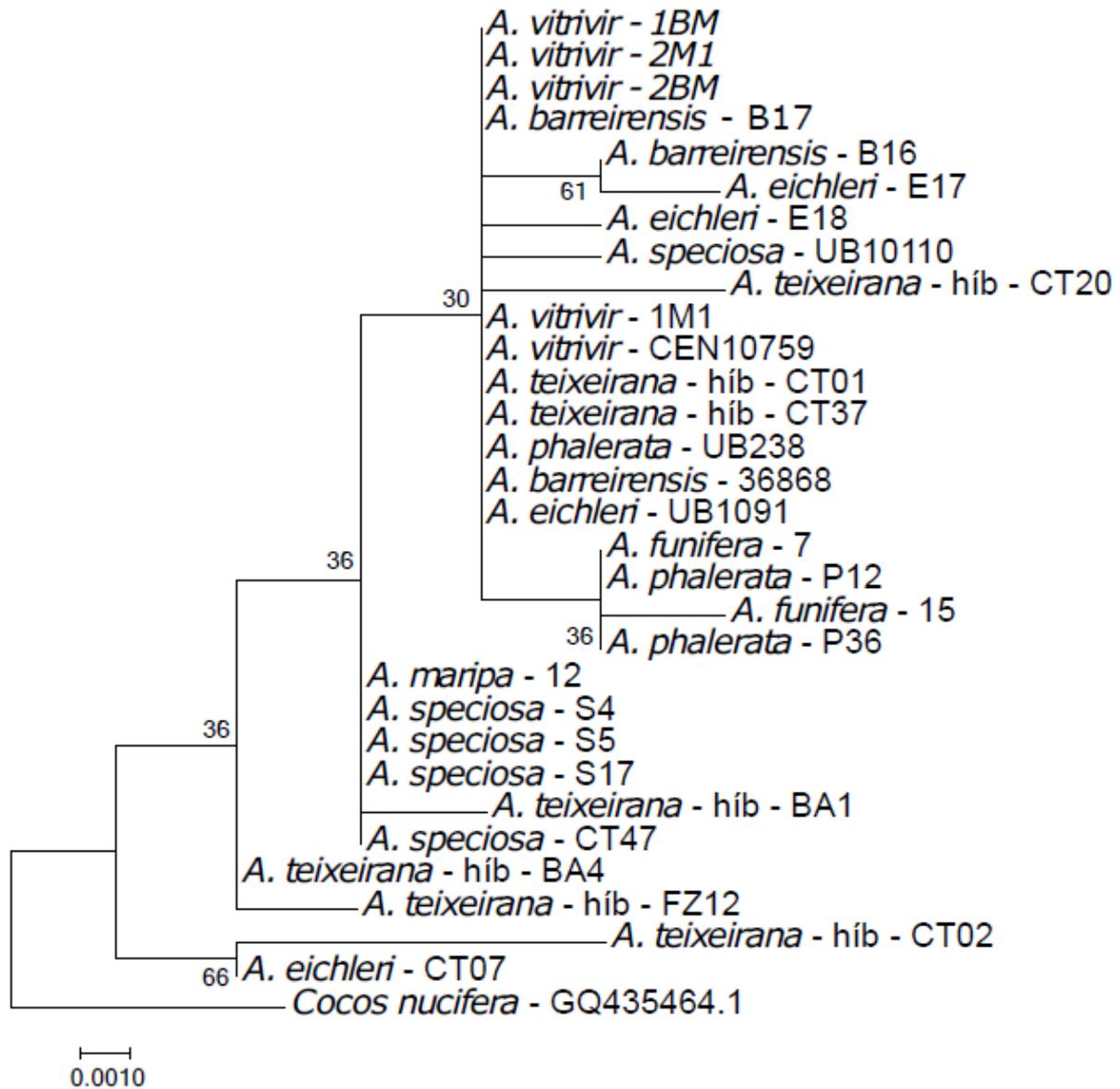


**Figura 38.** Árvore filogenética de Máxima Verossimilhança inferida a partir de sequências do gene *rbcL*, mostrando relações entre algumas espécies do gênero *Attalea*. Os valores significativos (maior que 50%) de *bootstrap* (1.000 repetições) estão representados na árvore. *Cocos nucifera* (AY012507.1) foi utilizado como *outgroup*.

*trnL* – MV

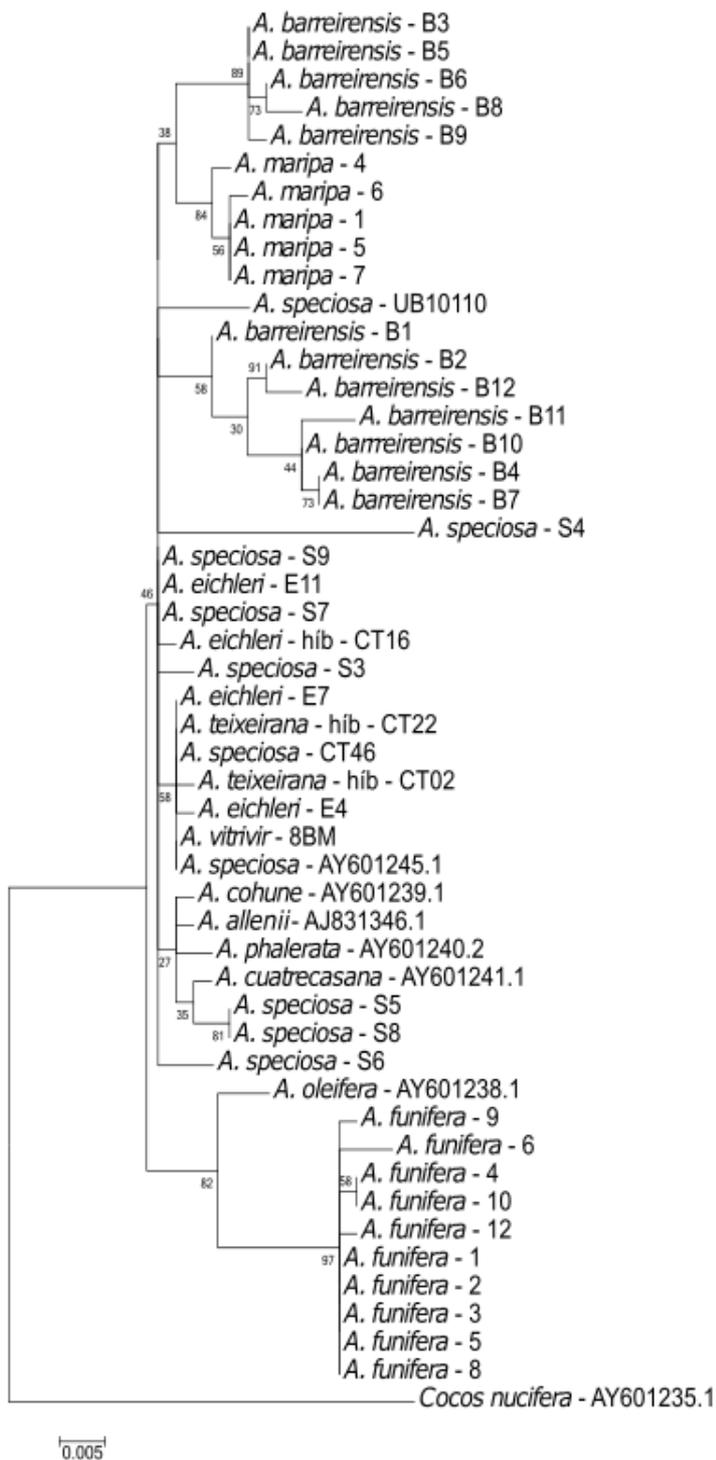


**Figura 39.** Árvore filogenética de Máxima Verossimilhança inferida a partir de seqüências do gene *trnL*, mostrando relações entre algumas espécies do gênero *Attalea*. Os valores significativos (maior que 50%) de *bootstrap* (1.000 repetições) estão representados na na árvore. *Cocos nucifera* (AM.113647.1) foi utilizado como *outgroup*.



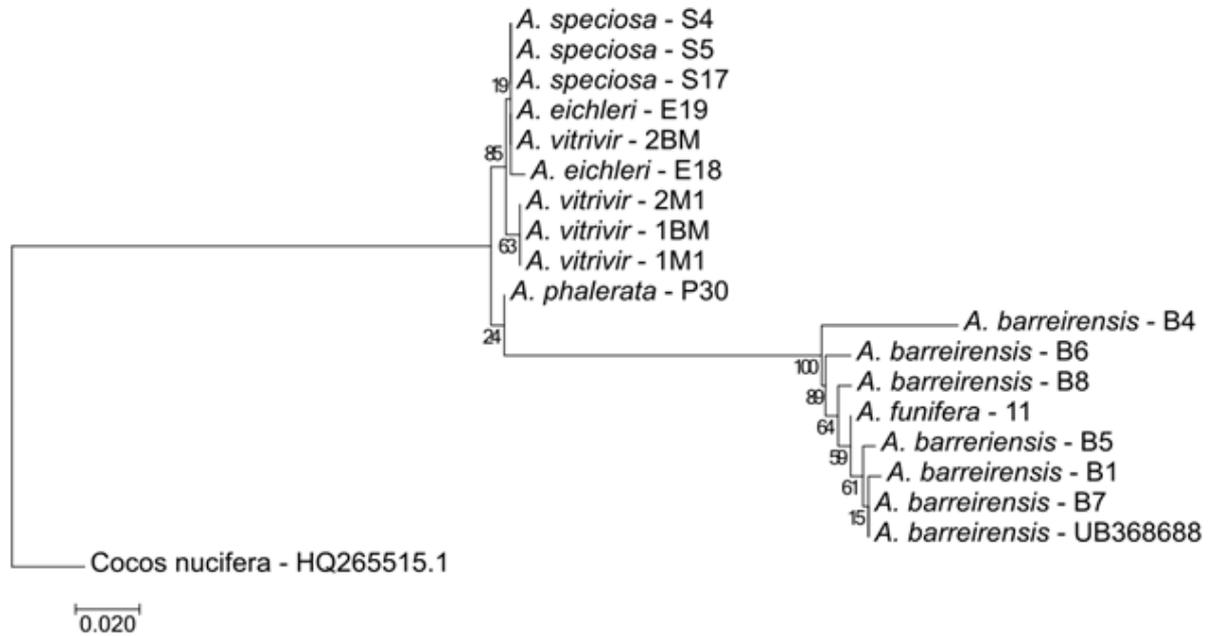
**Figura 40.** Árvore filogenética de Máxima Verossimilhança inferida a partir de seqüências do gene *psbA-trnH*, mostrando relações entre algumas espécies do gênero *Attalea*. Os valores significativos (maior que 50%) de *bootstrap* (1.000 repetições) estão representados na árvore. *Cocos nucifera* (GQ435464.1) foi utilizado como *outgroup*.

## PRK - MV



**Figura 41.** Árvore filogenética de Máxima Verossimilhança inferida a partir de seqüências do gene PRK, mostrando relações entre algumas espécies do gênero *Attalea*. Os valores significativos (maior que 50%) de *bootstrap* (1.000 repetições) estão representados na árvore. *Cocos nucifera* (AY601235.1) foi utilizado como *outgroup*.

## ITS - MV



**Figura 42.** Árvore filogenética de Máxima Verossimilhança inferida a partir de sequências do gene ITS, mostrando relações entre algumas espécies do gênero *Attalea*. Os valores significativos (maior que 50%) de *bootstrap* (1.000 repetições) estão representados na árvore. *Cocos nucifera* (HQ265515.1) foi utilizado como *outgroup*.

Anexo V - Sequências das amostras de *Attalea* geradas pelos marcadores *matK*, *rbcL*, *trnL*, *psbA-trnH*, ITS e PRK.

Sequências de *matK*

	10	20	30	40	50	60	70	80	90	100	110	
<i>A. eichleri</i> - UB1091	TCGCAATC	TGATAAAATTGG	TCCAGGTCGGC	TTACTAATAGGAT	GCCCCGATACGGT	ACAAAATTAGCT	TTAGACAATGAT	CCAATAAGAGGA	AATAA	CTGGGACTCTGG		
<i>A. phalerata</i> - UB238	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. speciosa</i> - UB10110	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. vitrivir</i> - CEN10759	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. barreirensis</i> - B15	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. barreirensis</i> - B16	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. barreirensis</i> - B17	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. eichleri</i> - E18	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. eichleri</i> - E19	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. funifera</i> - 7	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. funifera</i> - 10	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. funifera</i> - 25	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. maripa</i> - 10	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. maripa</i> - 15	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. maripa</i> - 16	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. phalerata</i> - P30	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. phalerata</i> - P36	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. speciosa</i> - S4	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. speciosa</i> - S17	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. phalerata</i> - HQ265548.1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. butyracea</i> - JQ586691.1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. rostrata</i> - GQ981943.1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. butyracea</i> - JQ586690.1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. allenii</i> - AM114636.1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - BA1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - BA39	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT01	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT02	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT22	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT37	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT38	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. speciosa</i> - CT46	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. speciosa</i> - CT47	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - LA19	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>Cocos nucifera</i> - HQ265564.1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....

Continuação das sequências de *matK*

	120	130	140	150	160	170	180	190	200	210	220
<i>A. eichleri</i> - UB1091	TATCGAATTTTT	AATAAGAGTAT	CTATTAGAAAT	GAAATTCCT	TAGCGTTT	GATTCC	TACCGCCGAAGG	ATTATTAGTAC	ACTTGAAAGATA	ACCTAGAAAATAGAAA	
<i>A. phalerata</i> - UB238						A					
<i>A. speciosa</i> - UB10110						A					
<i>A. vitrivir</i> - CEN10759											
<i>A. barreirensis</i> - B15											
<i>A. barreirensis</i> - B16											
<i>A. barreirensis</i> - B17											
<i>A. eichleri</i> - E18											
<i>A. eichleri</i> - E19											
<i>A. funifera</i> - 7											
<i>A. funifera</i> - 10											
<i>A. funifera</i> - 25											
<i>A. maripa</i> - 10											
<i>A. maripa</i> - 15											
<i>A. maripa</i> - 16											
<i>A. phalerata</i> - P30											
<i>A. phalerata</i> - P36											
<i>A. speciosa</i> - S4											
<i>A. speciosa</i> - S17											
<i>A. phalerata</i> - HQ265548.1						A					
<i>A. butyracea</i> - JQ586691.1						A					
<i>A. rostrata</i> - GQ981943.1						A					
<i>A. butyracea</i> - JQ586690.1						A					
<i>A. allenii</i> - AM114636.1						A					
<i>A. teixeirana</i> - hib - BA1						A					
<i>A. teixeirana</i> - hib - BA39						A					
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT01						A					
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT02						A					
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT22						A					
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT37						A					
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT38						A					
<i>A. speciosa</i> - CT46						A					
<i>A. speciosa</i> - CT47						A					
<i>A. teixeirana</i> - hib - LA19						A					
<i>Cocos nucifera</i> - HQ265564.1						C					

Continuação das sequências de *matK*

	230	240	250	260	270	280	290	300	310	320	330
<i>A. eichleri</i> - UB1091	GAACAGC	TTGATAATTGGTTT	TATGGATC	CGGTGAGACCAA	AGTGAAATAAT	TGCCAGAA	TTGACAAGAT	GACATTTCC	ATTCATTC	CAGAA	GATG
<i>A. phalerata</i> - UB238	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. speciosa</i> - UB10110	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. vitrivir</i> - CEN10759	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. barreirensis</i> - B15	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. barreirensis</i> - B16	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. barreirensis</i> - B17	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. eichleri</i> - E18	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. eichleri</i> - E19	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. funifera</i> - 7	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. funifera</i> - 10	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. funifera</i> - 25	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. maripa</i> - 10	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. maripa</i> - 15	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. maripa</i> - 16	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. phalerata</i> - P30	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. phalerata</i> - P36	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. speciosa</i> - S4	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. speciosa</i> - S17	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. phalerata</i> - HQ265548.1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. butyracea</i> - JQ586691.1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. rostrata</i> - GQ981943.1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. butyracea</i> - JQ586690.1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. allenii</i> - AM114636.1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - BA1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - BA39	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT01	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT02	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT22	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT37	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT38	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. speciosa</i> - CT46	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. speciosa</i> - CT47	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - LA19	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>Cocos nucifera</i> - HQ265564.1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....

Continuação das sequências de *matK*

	340	350	360	370	380	390	400	410	420	430	440									
<i>A. eichleri</i> - UB1091	AGTCC	CTTGAA	ACCAGA	ATTGCT	TTTTCT	TGATAT	CGAAC	ATAATG	CATGA	AGGGAT	CCTTGA	AGAAC	CATAGG	GTTCTG	AAAA	TAATT	ACGG	CGCA	CTACT	AATAA
<i>A. phalerata</i> - UB238	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. speciosa</i> - UB10110	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. vitrivir</i> - CEN10759	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. barreirensis</i> - B15	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. barreirensis</i> - B16	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. barreirensis</i> - B17	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. eichleri</i> - E18	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. eichleri</i> - E19	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. funifera</i> - 7	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. funifera</i> - 10	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. funifera</i> - 25	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. maripa</i> - 10	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. maripa</i> - 15	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. maripa</i> - 16	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. phalerata</i> - P30	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. phalerata</i> - P36	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. speciosa</i> - S4	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. speciosa</i> - S17	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. phalerata</i> - HQ265548.1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. butyracea</i> - JQ586691.1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. rostrata</i> - GQ981943.1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. butyracea</i> - JQ586690.1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. allenii</i> - AM114636.1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - BA1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - BA39	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT01	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT02	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT22	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT37	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT38	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. speciosa</i> - CT46	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. speciosa</i> - CT47	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - LA19	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>Cocos nucifera</i> - HQ265564.1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....

Continuação das sequências de *matK*

	450	460	470	480	490	500	510	520	530	540	550
<i>A. eichleri</i> - UB1091	GATGTTCTATTTTCCATAGAAATGTTTCGCTCAAGAAAAGCTCCAGAAGATGTTAATCGTAAATAAGAAGATTGTTTACGAAGAAAACTAATACAAATTCGCATTCA										
<i>A. phalerata</i> - UB238	.....										
<i>A. speciosa</i> - UB10110	.....										
<i>A. vitrivir</i> - CEN10759	.....										
<i>A. barreirensis</i> - B15	.....										
<i>A. barreirensis</i> - B16	.....										
<i>A. barreirensis</i> - B17	.....			G							
<i>A. eichleri</i> - E18	.....										
<i>A. eichleri</i> - E19	.....										
<i>A. funifera</i> - 7	.....										
<i>A. funifera</i> - 10	.....										
<i>A. funifera</i> - 25	.....										
<i>A. maripa</i> - 10	.....										
<i>A. maripa</i> - 15	.....										
<i>A. maripa</i> - 16	.....										
<i>A. phalerata</i> - P30	.....								A		
<i>A. phalerata</i> - P36	.....										
<i>A. speciosa</i> - S4	.....										
<i>A. speciosa</i> - S17	.....										
<i>A. phalerata</i> - HQ265548.1	.....										
<i>A. butyracea</i> - JQ586691.1	.....										
<i>A. rostrata</i> - GQ981943.1	.....										
<i>A. butyracea</i> - JQ586690.1	.....										
<i>A. allenii</i> - AM114636.1	.....										
<i>A. teixeirana</i> - hib - BA1	.....										
<i>A. teixeirana</i> - hib - BA39	.....										
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT01	.....										
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT02	.....										
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT22	.....								A		
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT37	.....										
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT38	.....										
<i>A. speciosa</i> - CT46	.....										
<i>A. speciosa</i> - CT47	.....										
<i>A. teixeirana</i> - hib - LA19	.....										
<i>Cocos nucifera</i> - HQ265564.1	.....										



## Sequências de *rbcL*

	10	20	30	40	50	60	70	80	90	100	110	
<i>A. eichleri</i> - UB1091	GATTACAAATTGACTTATTATACTCCTGACTACGAAACCAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCGGAGTAACTCCTCAACCCGGAGTCCG-CCTGAGGAAGCAGGGG											
<i>A. phalerata</i> - UB238	.....											
<i>A. speciosa</i> - UB10110	.....											
<i>A. barreirensis</i> - UB36868	.....											
<i>A. speciosa</i> - CEN58039	.....											
<i>A. maripa</i> - CEN12546	.....											
<i>A. barreirensis</i> - B15	.....											
<i>A. barreirensis</i> - B16	.....											
<i>A. barreirensis</i> - B17	.....											
<i>A. eichleri</i> - E17	.....G.....T.....											
<i>A. eichleri</i> - E18	.....											
<i>A. eichleri</i> - E19	.....											
<i>A. funifera</i> - 7	.....C.....											
<i>A. maripa</i> - 10	.....											
<i>A. maripa</i> - 15	.....											
<i>A. phalerata</i> - P12	.....											
<i>A. phalerata</i> - P30	.....											
<i>A. phalerata</i> - P36	.....											
<i>A. speciosa</i> - S5	.....											
<i>A. speciosa</i> - S4	.....											
<i>A. allenii</i> - AJ404829.1	.....											
<i>A. butyracea</i> - JQ590420.1	.....											
<i>A. rostrata</i> - GQ981675.1	.....											
<i>A. teixeirana</i> - hib - BA1	.....											
<i>A. teixeirana</i> - hib - BA4	.....R.....G.....											
<i>A. teixeirana</i> - hib - BA39	.....											
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT01	.....											
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT02	.....											
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT20	.....											
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT37	.....											
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT22	.....											
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT38	.....											
<i>A. speciosa</i> - CT46	.....											
<i>A. eichleri</i> - ES22	.....											
<i>Cocos nucifera</i> - AY012507.1	.....											

Continuação das sequências de *rbcL*

	120	130	140	150	160	170	180	190	200	210	220						
<i>A. eichleri</i> - UB1091	CAGCGG	TAGCTG	CCGAAT	CTTCTACT	GGTACAT	GGACAAC	TGTGGAC	TGATGGAC	TTACCAG	TCTTGAT	CGTTACA	AAGGAC	GATGCT	TACCAC	ATCGAA	ACCG	TTGTC
<i>A. phalerata</i> - UB238	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. speciosa</i> - UB10110	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. barreirensis</i> - UB36868	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. speciosa</i> - CEN58039	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. maripa</i> - CEN12546	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. barreirensis</i> - B15	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. barreirensis</i> - B16	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. barreirensis</i> - B17	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. eichleri</i> - E17	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. eichleri</i> - E18	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. eichleri</i> - E19	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. funifera</i> - 7	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. maripa</i> - 10	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. maripa</i> - 15	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. phalerata</i> - P12	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. phalerata</i> - P30	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. phalerata</i> - P36	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. speciosa</i> - S5	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. speciosa</i> - S4	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. allenii</i> - AJ404829.1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. butyracea</i> - JQ590420.1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. rostrata</i> - GQ981675.1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - BA1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - BA4	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - BA39	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT01	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT02	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT20	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT37	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT22	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT38	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. speciosa</i> - CT46	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. eichleri</i> - ES22	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>Cocos nucifera</i> - AY012507.1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....

Continuação das sequências de *rbcL*

	230	240	250	260	270	280	290	300	310	320	330	
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....											
<i>A. eichleri</i> - UB1091	GGGGAGG	AAAATCA	ATATAT	TGCTAT	GTAGCT	TATCCT	TTAGAC	TTTTGA	AGAAGG	TTCTGT	TACTAA	CATGTT
<i>A. phalerata</i> - UB238	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. speciosa</i> - UB10110	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. barreirensis</i> - UB36868	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. speciosa</i> - CEN58039	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. maripa</i> - CEN12546	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. barreirensis</i> - B15	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. barreirensis</i> - B16	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. barreirensis</i> - B17	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. eichleri</i> - E17	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. eichleri</i> - E18	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. eichleri</i> - E19	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. funifera</i> - 7	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. maripa</i> - 10	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. maripa</i> - 15	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. phalerata</i> - P12	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. phalerata</i> - P30	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. phalerata</i> - P36	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. speciosa</i> - S5	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. speciosa</i> - S4	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. allenii</i> - AJ404829.1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. butyracea</i> - JQ590420.1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. rostrata</i> - GQ981675.1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - BA1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - BA4	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - BA39	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT01	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT02	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT20	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT37	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT22	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT38	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. speciosa</i> - CT46	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. eichleri</i> - ES22	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>Cocos nucifera</i> - AY012507.1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....

Continuação das sequências de *rbcL*

	340	350	360	370	380	390	400	410	420	430	440							
<i>A. eichleri</i> - UB1091	AGCCCT	TACGAGCT	TACGCT	TGGAGGAT	CTGCGAAT	TCCAC	TTCCTT	ATTC	CAAAAC	TTC	CAAGGCCG	CCTCAT	GGTAT	C	CAAGTT	GAAAGAG	TAAGTT	GAACAAG
<i>A. phalerata</i> - UB238	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. speciosa</i> - UB10110	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. barreirensis</i> - UB36868	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. speciosa</i> - CEN58039	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. maripa</i> - CEN12546	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. barreirensis</i> - B15	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. barreirensis</i> - B16	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. barreirensis</i> - B17	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. eichleri</i> - E17	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. eichleri</i> - E18	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. eichleri</i> - E19	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. funifera</i> - 7	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. maripa</i> - 10	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. maripa</i> - 15	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. phalerata</i> - P12	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. phalerata</i> - P30	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. phalerata</i> - P36	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. speciosa</i> - S5	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. speciosa</i> - S4	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. allenii</i> - AJ404829.1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. butyracea</i> - JQ590420.1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. rostrata</i> - GQ981675.1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - BA1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - BA4	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - BA39	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT01	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT02	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT20	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT37	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT22	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT38	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. speciosa</i> - CT46	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. eichleri</i> - ES22	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>Cocos nucifera</i> - AY012507.1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....

Continuação das sequências de *rbcL*

	450	460	470	480	490
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....				
A. eichleri - UB1091	-TATGGTCGTCCT	-CTATTGGGATGTACTATTAAACCAAAATGGGATTA			
A. phalerata - UB238	-..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....				
A. speciosa - UB10110	-..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....				
A. barreirensis - UB36868	-..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....				
A. speciosa - CEN58039	-..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....				
A. maripa - CEN12546	-..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....				
A. barreirensis - B15	-..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....				
A. barreirensis - B16	-..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....				
A. barreirensis - B17	-..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....				
A. eichleri - E17	-..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....	C			
A. eichleri - E18	-..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....				
A. eichleri - E19	-..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....				
A. funifera - 7	-..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....				
A. maripa - 10	-..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....				
A. maripa - 15	-..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....				
A. phalerata - P12	-..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....				
A. phalerata - P30	-..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....				
A. phalerata - P36	-..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....				
A. speciosa - S5	-..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....				
A. speciosa - S4	-..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....				
A. allenii - AJ404829.1	-..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....				
A. butyracea - JQ590420.1	-..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....				
A. rostrata - GQ981675.1	-..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....				
A. teixeirana - hib - BA1	-..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....				
A. teixeirana - hib - BA4	-..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....				
A. teixeirana - hib - BA39	-..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....		T		
A. teixeirana - hib - CT01	A..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....				
A. teixeirana - hib - CT02	-..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....				
A. teixeirana - hib - CT20	-..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....				
A. teixeirana - hib - CT37	-..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....				
A. teixeirana - hib - CT22	-..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....				
A. teixeirana - hib - CT38	-..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....				
A. speciosa - CT46	-..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....				
A. eichleri - ES22	-..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....		C		
Cocos nucifera - AY012507.1	-..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....				



Continuação das sequências de *trnL*

	120	130	140	150	160	170	180	190	200	210	220
<i>A. barreirensis</i> - B15	CTGGAA	-TTCC	TCTATCG	-AAATTACAGAAAGGACGGCCCTATATAATATATCTAATACGTACGTATACATACTAACATATCAAACGATTAATC	CGACCCGAATCTATC						
<i>A. barreirensis</i> - B16											
<i>A. eichleri</i> - E18											
<i>A. eichleri</i> - E19											
<i>A. maripa</i> - 10											
<i>A. phalerata</i> - P12											
<i>A. phalerata</i> - P30											
<i>A. phalerata</i> - P36											
<i>A. speciosa</i> - S4											
<i>A. speciosa</i> - S5											
<i>A. speciosa</i> - S17		A									
<i>A. barreirensis</i> - UB36868											
<i>A. barreirensis</i> - CEN52072											
<i>A. eichleri</i> - UB1091											
<i>A. phalerata</i> - UB238											
<i>A. speciosa</i> - UB10110											
<i>A. vitrivir</i> - CEN10759											
<i>A. barreirensis</i> - B17											
<i>A. crassispatha</i> - AJ241321.1											
<i>A. phalerata</i> - HQ265783.1											
<i>A. allenii</i> - AJ241312.1											
<i>A. teixeirana</i> - hib - BA1			G							SRS.R	S
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT01											
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT02											
<i>A. eichleri</i> - CT07											
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT20											
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT22											
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT37											
<i>A. speciosa</i> - CT46											
<i>A. speciosa</i> - CT47											
<i>Cocos nucifera</i> - AM113647.1					T						

Continuação das seqüências de *trnL*

	230	240	250	260	270	280	290	300	310	320	330
<i>A. barreirensis</i> - B15	GAA	TATATATATATGAAAGAAAAATTCAGAGTTATTGTGAA	TCCATTCCAATCGAAGTTGAAGGAAGAATCGAATATTCAGTGATCAAATCATTCATTCCAGAG								
<i>A. barreirensis</i> - B16											
<i>A. eichleri</i> - E18											
<i>A. eichleri</i> - E19											
<i>A. maripa</i> - 10											
<i>A. phalerata</i> - P12											
<i>A. phalerata</i> - P30											
<i>A. phalerata</i> - P36											
<i>A. speciosa</i> - S4											
<i>A. speciosa</i> - S5					G						
<i>A. speciosa</i> - S17											
<i>A. barreirensis</i> - UB36868											
<i>A. barreirensis</i> - CEN52072											
<i>A. eichleri</i> - UB1091											
<i>A. phalerata</i> - UB238											
<i>A. speciosa</i> - UB10110											
<i>A. vitrivir</i> - CEN10759											
<i>A. barreirensis</i> - B17											
<i>A. crassipatha</i> - AJ241321.1											
<i>A. phalerata</i> - HQ265783.1											
<i>A. allenii</i> - AJ241312.1	A										
<i>A. teixeirana</i> - hib - BA1			R				R				
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT01											
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT02											
<i>A. eichleri</i> - CT07											
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT20											
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT22											
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT37											
<i>A. speciosa</i> - CT46											
<i>A. speciosa</i> - CT47											
<i>Cocos nucifera</i> - AM113647.1	TATA										

Continuação das sequências de *trnL*

	340	350	360	370	380	390	400	410	420	430	440	
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....											
<i>A. barreirensis</i> - B15	T	T	T	G	A	T	A	G	A	T	C	T
<i>A. barreirensis</i> - B16	T	T	T	G	A	T	A	G	A	T	C	T
<i>A. eichleri</i> - E18	T	T	T	G	A	T	A	G	A	T	C	T
<i>A. eichleri</i> - E19	T	T	T	G	A	T	A	G	A	T	C	T
<i>A. maripa</i> - 10	T	T	T	G	A	T	A	G	A	T	C	T
<i>A. phalerata</i> - P12	T	T	T	G	A	T	A	G	A	T	C	T
<i>A. phalerata</i> - P30	T	T	T	G	A	T	A	G	A	T	C	T
<i>A. phalerata</i> - P36	T	T	T	G	A	T	A	G	A	T	C	T
<i>A. speciosa</i> - S4	T	T	T	G	A	T	A	G	A	T	C	T
<i>A. speciosa</i> - S5	T	T	T	G	A	T	A	G	A	T	C	T
<i>A. speciosa</i> - S17	T	T	T	G	A	T	A	G	A	T	C	T
<i>A. barreirensis</i> - UB36868	T	T	T	G	A	T	A	G	A	T	C	T
<i>A. barreirensis</i> - CEN52072	T	T	T	G	A	T	A	G	A	T	C	T
<i>A. eichleri</i> - UB1091	T	T	T	G	A	T	A	G	A	T	C	T
<i>A. phalerata</i> - UB238	T	T	T	G	A	T	A	G	A	T	C	T
<i>A. speciosa</i> - UB10110	T	T	T	G	A	T	A	G	A	T	C	T
<i>A. vitrivir</i> - CEN10759	T	T	T	G	A	T	A	G	A	T	C	T
<i>A. barreirensis</i> - B17	T	T	T	G	A	T	A	G	A	T	C	T
<i>A. crassipatha</i> - AJ241321.1	T	T	T	G	A	T	A	G	A	T	C	T
<i>A. phalerata</i> - HQ265783.1	T	T	T	G	A	T	A	G	A	T	C	T
<i>A. allenii</i> - AJ241312.1	T	T	T	G	A	T	A	G	A	T	C	T
<i>A. teixeirana</i> - hib - BA1	T	T	T	G	A	T	A	G	A	T	C	T
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT01	T	T	T	G	A	T	A	G	A	T	C	T
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT02	T	T	T	G	A	T	A	G	A	T	C	T
<i>A. eichleri</i> - CT07	T	T	T	G	A	T	A	G	A	T	C	T
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT20	T	T	T	G	A	T	A	G	A	T	C	T
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT22	T	T	T	G	A	T	A	G	A	T	C	T
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT37	T	T	T	G	A	T	A	G	A	T	C	T
<i>A. speciosa</i> - CT46	T	T	T	G	A	T	A	G	A	T	C	T
<i>A. speciosa</i> - CT47	T	T	T	G	A	T	A	G	A	T	C	T
<i>Cocos nucifera</i> - AM113647.1	T	T	T	G	A	T	A	G	A	T	C	T

Continuação das sequências de *trnL*

	450	460
	..... ..... ..... ..... ..... .....	
<i>A. barreirensis</i> - B15	GACTTTAGAAATCGTGAGGGTTCAAGTCC	
<i>A. barreirensis</i> - B16	.....	
<i>A. eichleri</i> - E18	.....	
<i>A. eichleri</i> - E19	.....	
<i>A. maripa</i> - 10	.....	
<i>A. phalerata</i> - P12	.....	
<i>A. phalerata</i> - P30	.....	
<i>A. phalerata</i> - P36	.....	
<i>A. speciosa</i> - S4	.....	
<i>A. speciosa</i> - S5	.....	
<i>A. speciosa</i> - S17	.....	
<i>A. barreirensis</i> - UB36868	.....	
<i>A. barreirensis</i> - CEN52072	.....C.....	
<i>A. eichleri</i> - UB1091	.....	
<i>A. phalerata</i> - UB238	.....	
<i>A. speciosa</i> - UB10110	.....	
<i>A. vitrivir</i> - CEN10759	.....A.....	
<i>A. barreirensis</i> - B17	.....	
<i>A. crassispatha</i> - AJ241321.1	.....	
<i>A. phalerata</i> - HQ265783.1	.....	
<i>A. allenii</i> - AJ241312.1	.....	
<i>A. teixeirana</i> - hib - BA1	.....	
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT01	.....	
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT02	.....	
<i>A. eichleri</i> - CT07	.....	
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT20	.....	
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT22	.....	
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT37	.....	
<i>A. speciosa</i> - CT46	.....	
<i>A. speciosa</i> - CT47	.....	
<i>Cocos nucifera</i> - AM113647.1	.....	



Continuação das sequências de ITS

	230	240	250	260	270	280	290	300	310	320	330							
	..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... ..... .....																	
<i>A. speciosa</i> - S4	CCC-CCGCCCTATCGGGCGCG	GAGGTGCGCCC	GCGGC	GCGGGGGCG	GCGGGCGG	ACCAAA	CCCGGCGCGGAGGGC	GCCAAGGAGCAGGAGCG										
<i>A. speciosa</i> - S5	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....							
<i>A. speciosa</i> - S17	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....							
<i>A. eichleri</i> - E19	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....							
<i>A. eichleri</i> - E18	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....							
<i>A. vitrivir</i> - 2M1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....							
<i>A. vitrivir</i> - 1BM	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....							
<i>A. vitrivir</i> - 2BM	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....							
<i>A. vitrivir</i> - 1M1	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....							
<i>A. funifera</i> - 11	.....	.....	C	GCGGCGT	.....	.....	.....	.....	AAGAAA	TT	CA	G	TTCC	C				
<i>A. phalerata</i> - P30	.....	.....	C	GCGGCGT	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....				
<i>A. barreirensis</i> - B6	.....	.....	C	GCGGCCT	.....	.....	GC	.....	AATAAA	TT	CA	G	TTCC	C				
<i>A. barreirensis</i> - B8	.....	.....	C	GCGGCGT	.....	.....	.....	.....	AAGAAA	TT	CA	G	TTCC	C				
<i>A. barreirensis</i> - B5	.....	.....	T	C	GCGGCGT	.....	.....	.....	AAGAAA	TT	CA	G	TTCC	C				
<i>A. barreirensis</i> - B4	.....	.....	T	C	GCGGCGT	.....	T	.....	C	T	TAAA	TG	CC	G	TTCC	C		
<i>A. barreirensis</i> - B7	.....	.....	C	GCGGCGT	.....	.....	.....	.....	AAGAAA	TT	CA	G	TTCC	C				
<i>A. barreirensis</i> - B1	.....	.....	C	GCGGCGT	.....	.....	.....	.....	AAGAAA	TT	CA	G	TTCC	C				
<i>A. barreirensis</i> - UB36868	.....	.....	C	GCGGCGT	.....	.....	S	.....	AAGAAA	TT	CA	G	TTCC	C				
<i>Cocos nucifera</i> - HQ265515.1	T	.....	C	.....	TA	.....	A	GCGGCGG	A	AT	C	.....	G	.....	T	T	.....	T

Continuação das sequências de ITS

	340
	..... .....
<i>A. speciosa</i> - S4	CGGAAGCGGG
<i>A. speciosa</i> - S5	.....
<i>A. speciosa</i> - S17	.....
<i>A. eichleri</i> - E19	.....
<i>A. eichleri</i> - E18	.....
<i>A. vitrivir</i> - 2M1	.....
<i>A. vitrivir</i> - 1BM	.....
<i>A. vitrivir</i> - 2BM	.....
<i>A. vitrivir</i> - 1M1	.....
<i>A. funifera</i> - 11	TA.T.A...C
<i>A. phalerata</i> - P30	.....
<i>A. barreirensis</i> - B6	TA.T.A...C
<i>A. barreirensis</i> - B8	TA.T.A...C
<i>A. barreirensis</i> - B5	TA.T.A...C
<i>A. barreirensis</i> - B4	TA.T.C...C
<i>A. barreirensis</i> - B7	TA.T.A...C
<i>A. barreirensis</i> - B1	TA.T.C...C
<i>A. barreirensis</i> - UB36868	TA.T.A...C
<i>Cocos nucifera</i> - HQ265515.1	A.....

Sequências de *psbA-trnH*

	10	20	30	40	50	60	70	80	90	100	110	
<i>A. barreirensis</i> - B16	C	T	T	T	G	T	C	T	T	A	G	T
<i>A. barreirensis</i> - B17	C	T	T	T	G	T	C	T	T	A	G	T
<i>A. eichleri</i> - E18	C	T	T	T	G	T	C	T	T	A	G	T
<i>A. eichleri</i> - E17	C	T	T	T	G	T	C	T	T	A	G	T
<i>A. funifera</i> - 7	C	T	T	T	G	T	C	T	T	A	G	T
<i>A. funifera</i> - 15	C	T	T	T	G	T	C	T	T	A	G	T
<i>A. maripa</i> - 12	C	T	T	T	G	T	C	T	T	A	G	T
<i>A. speciosa</i> - S4	C	T	T	T	G	T	C	T	T	A	G	T
<i>A. speciosa</i> - S5	C	T	T	T	G	T	C	T	T	A	G	T
<i>A. speciosa</i> - S17	C	T	T	T	G	T	C	T	T	A	G	T
<i>A. phalerata</i> - P12	C	T	T	T	G	T	C	T	T	A	G	T
<i>A. phalerata</i> - P36	C	T	T	T	G	T	C	T	T	A	G	T
<i>A. vitrivir</i> - 2BM	C	T	T	T	G	T	C	T	T	A	G	T
<i>A. vitrivir</i> - 1BM	C	T	T	T	G	T	C	T	T	A	G	T
<i>A. vitrivir</i> - 2M1	C	T	T	T	G	T	C	T	T	A	G	T
<i>A. vitrivir</i> - 1M1	C	T	T	T	G	T	C	T	T	A	G	T
<i>A. eichleri</i> - UB1091	C	T	T	T	G	T	C	T	T	A	G	T
<i>A. vitrivir</i> - CEN10759	C	T	T	T	G	T	C	T	T	A	G	T
<i>A. phalerata</i> - UB238	C	T	T	T	G	T	C	T	T	A	G	T
<i>A. speciosa</i> - UB10110	C	T	T	T	G	T	C	T	T	A	G	T
<i>A. barreirensis</i> - UB36868	C	T	T	T	G	T	C	T	T	A	G	T
<i>A. teixeirana</i> - hib - BA1	C	T	T	T	G	T	C	T	T	A	G	T
<i>A. eichleri</i> - BA4	C	T	T	T	G	T	C	T	T	A	G	T
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT01	C	T	T	T	G	T	C	T	T	A	G	T
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT37	C	T	T	T	G	T	C	T	T	A	G	T
<i>A. speciosa</i> - CT47	C	T	T	T	G	T	C	T	T	A	G	T
<i>A. teixeirana</i> - hib - FZ12	C	T	T	T	G	T	C	T	T	A	G	T
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT02	T	.	.	.	A	.	.	.	.	T	.	.
<i>A. eichleri</i> - CT07	C	T	T	T	G	T	C	T	T	A	G	T
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT20	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	C
<i>Cocos nucifera</i> - GQ435464.1	C	.	.	.	AAACAAGA	.	.	.	.	.	.	.



Continuação das sequências de *psbA-trnH*

	230	240	250	260	270	280	290	300	310	320	330	
<i>A. barreirensis</i> - B16	T	T	T	C	C	T	T	C	C	A	T	T
<i>A. barreirensis</i> - B17	T	T	T	C	C	T	T	C	C	A	T	T
<i>A. eichleri</i> - E18	T	T	T	C	C	T	T	C	C	A	T	T
<i>A. eichleri</i> - E17	T	T	T	C	C	T	T	C	C	A	T	T
<i>A. funifera</i> - 7	T	T	T	C	C	T	T	C	C	A	T	T
<i>A. funifera</i> - 15	T	T	T	C	C	T	T	C	C	A	T	T
<i>A. maripa</i> - 12	T	T	T	C	C	T	T	C	C	A	T	T
<i>A. speciosa</i> - S4	T	T	T	C	C	T	T	C	C	A	T	T
<i>A. speciosa</i> - S5	T	T	T	C	C	T	T	C	C	A	T	T
<i>A. speciosa</i> - S17	T	T	T	C	C	T	T	C	C	A	T	T
<i>A. phalerata</i> - P12	T	T	T	C	C	T	T	C	C	A	T	T
<i>A. phalerata</i> - P36	T	T	T	C	C	T	T	C	C	A	T	T
<i>A. vitrivir</i> - 2BM	T	T	T	C	C	T	T	C	C	A	T	T
<i>A. vitrivir</i> - 1BM	T	T	T	C	C	T	T	C	C	A	T	T
<i>A. vitrivir</i> - 2M1	T	T	T	C	C	T	T	C	C	A	T	T
<i>A. vitrivir</i> - 1M1	T	T	T	C	C	T	T	C	C	A	T	T
<i>A. eichleri</i> - UB1091	T	T	T	C	C	T	T	C	C	A	T	T
<i>A. vitrivir</i> - CEN10759	T	T	T	C	C	T	T	C	C	A	T	T
<i>A. phalerata</i> - UB238	T	T	T	C	C	T	T	C	C	A	T	T
<i>A. speciosa</i> - UB10110	T	T	T	C	C	T	T	C	C	A	T	T
<i>A. barreirensis</i> - UB36868	T	T	T	C	C	T	T	C	C	A	T	T
<i>A. teixeirana</i> - hib - BA1	T	T	T	C	C	T	T	C	C	A	T	T
<i>A. eichleri</i> - BA4	T	T	T	C	C	T	T	C	C	A	T	T
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT01	T	T	T	C	C	T	T	C	C	A	T	T
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT37	T	T	T	C	C	T	T	C	C	A	T	T
<i>A. speciosa</i> - CT47	T	T	T	C	C	T	T	C	C	A	T	T
<i>A. teixeirana</i> - hib - FZ12	T	T	T	C	C	T	T	C	C	A	T	T
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT02	T	T	T	C	C	T	T	C	C	A	T	T
<i>A. eichleri</i> - CT07	T	T	T	C	C	T	T	C	C	A	T	T
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT20	T	T	T	C	C	T	T	C	C	A	T	T
<i>Cocos nucifera</i> - GQ435464.1	T	T	T	C	C	T	T	C	C	A	T	T

Continuação das sequências de *psbA-trnH*

	340	350	360	370	380	390	400	410	420	430	440	
<i>A. barreirensis</i> - B16	T	T	C	C	A	T	T	T	T	C	C	C
<i>A. barreirensis</i> - B17	G	A	T	A	A	T	G	A	T	T	A	G
<i>A. eichleri</i> - E18	T	A	G	C	T	A	C	A	A	A	G	G
<i>A. eichleri</i> - E17	A	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T
<i>A. funifera</i> - 7	T	A	G	C	T	A	C	A	A	A	G	G
<i>A. funifera</i> - 15	A	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T
<i>A. maripa</i> - 12	T	A	G	C	T	A	C	A	A	A	G	G
<i>A. speciosa</i> - S4	T	A	G	C	T	A	C	A	A	A	G	G
<i>A. speciosa</i> - S5	T	A	G	C	T	A	C	A	A	A	G	G
<i>A. speciosa</i> - S17	T	A	G	C	T	A	C	A	A	A	G	G
<i>A. phalerata</i> - P12	A	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T
<i>A. phalerata</i> - P36	A	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T
<i>A. vitrivir</i> - 2BM	T	A	G	C	T	A	C	A	A	A	G	G
<i>A. vitrivir</i> - 1BM	T	A	G	C	T	A	C	A	A	A	G	G
<i>A. vitrivir</i> - 2M1	T	A	G	C	T	A	C	A	A	A	G	G
<i>A. vitrivir</i> - 1M1	T	A	G	C	T	A	C	A	A	A	G	G
<i>A. eichleri</i> - UB1091	T	A	G	C	T	A	C	A	A	A	G	G
<i>A. vitrivir</i> - CEN10759	T	A	G	C	T	A	C	A	A	A	G	G
<i>A. phalerata</i> - UB238	T	A	G	C	T	A	C	A	A	A	G	G
<i>A. speciosa</i> - UB10110	T	A	G	C	T	A	C	A	A	A	G	G
<i>A. barreirensis</i> - UB36868	T	A	G	C	T	A	C	A	A	A	G	G
<i>A. teixeirana</i> - hib - BA1	T	A	G	C	T	A	C	A	A	A	G	G
<i>A. eichleri</i> - BA4	T	A	G	C	T	A	C	A	A	A	G	G
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT01	T	A	G	C	T	A	C	A	A	A	G	G
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT37	T	A	G	C	T	A	C	A	A	A	G	G
<i>A. speciosa</i> - CT47	T	A	G	C	T	A	C	A	A	A	G	G
<i>A. teixeirana</i> - hib - FZ12	T	A	G	C	T	A	C	A	A	A	G	G
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT02	T	A	G	C	T	A	C	A	A	A	G	G
<i>A. eichleri</i> - CT07	T	A	G	C	T	A	C	A	A	A	G	G
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT20	T	A	G	C	T	A	C	A	A	A	G	G
<i>Cocos nucifera</i> - GQ435464.1	A	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T

Continuação das sequências de *psbA-trnH*

	450	460	470	480	490	500
<i>A. barreirensis</i> - B16	CCAATATCTCGATCTAAGTATGGAGGTCAG	AATAAATACAATAATGATGAAT	GGAAAAA			
<i>A. barreirensis</i> - B17	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. eichleri</i> - E18	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. eichleri</i> - E17	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. funifera</i> - 7	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. funifera</i> - 15	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. maripa</i> - 12	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. speciosa</i> - S4	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. speciosa</i> - S5	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. speciosa</i> - S17	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. phalerata</i> - P12	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. phalerata</i> - P36	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. vitrivir</i> - 2BM	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. vitrivir</i> - 1BM	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. vitrivir</i> - 2M1	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. vitrivir</i> - 1M1	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. eichleri</i> - UB1091	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. vitrivir</i> - CEN10759	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. phalerata</i> - UB238	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. speciosa</i> - UB10110	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. barreirensis</i> - UB36868	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - BA1	.....	.....	A	.....	TG.AAT	-----
<i>A. eichleri</i> - BA4	.....	.....	A	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT01	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT37	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. speciosa</i> - CT47	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - FZ12	.....	.....	A	.....	.....	.....
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT02	.....	.....	A	.....	.....	G
<i>A. eichleri</i> - CT07	.....	.....	A	.....	.....	G
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT20	.....	.....	.....	.....	.....	.....
<i>Cocos nucifera</i> - GQ435464.1	.....	.....	A	.....	.....	.....



Continuação das sequências de PRK

	110	120	130	140	150	160	170	180	190	200																
A. barreirensis - B1	CTT	CAGT	ATCT	AGCAA	TGCTT	CAT	AAAAA	ATCT	AACCT	AGCAA	GCAA	GAAT	CTG	AT	CGA	TAAGT	CAAA	TAAT	GCAC	AAAA	CCT	ACT	GGAC	CAAA	ATTA	
A. barreirensis - B2	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. barreirensis - B3	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. barreirensis - B4	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. barreirensis - B5	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. barreirensis - B6	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. barreirensis - B7	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. barreirensis - B8	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. barreirensis - B9	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. barreirensis - B10	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. barreirensis - B11	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. barreirensis - B12	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. funifera - 1	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. funifera - 2	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. funifera - 3	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. funifera - 4	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. funifera - 5	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. funifera - 6	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. funifera - 8	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. funifera - 9	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. funifera - 10	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. funifera - 12	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. maripa - 1	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. maripa - 4	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. maripa - 5	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. maripa - 6	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. maripa - 7	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. cohune - AY601239.1	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. cuatrecasana - AY601241.1	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. oleifera - AY601238.1	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. allenii - AJ831346.1	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. eichlexi - CT07	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. teixeirana - hib - CT16	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. teixeirana - hib - CT22	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. speciosa - CT46	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. teixeirana - hib - CT02	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. vitrivir - 8EM	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. speciosa - AY601245.1	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. speciosa - UB10110	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. speciosa - S6	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. speciosa - S7	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. speciosa - S9	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. speciosa - S3	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. speciosa - S4	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. speciosa - S5	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. speciosa - S8	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. eichlexi - E4	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. eichlexi - E11	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
A. phalerata - AY601240.2	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
Cocos nucifera - AY601235.1	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.

Continuação das sequências de PRK

	210	220	230	240	250	260	270	280	290	300
<i>A. barreirensis</i> - B1	TAATATTACTTCATGTGCAAAAT	TTTTTTGGTACCTTTTCTAAAAGAAAGAAGAGGG				GGTAGGCGAACCCCGCCCGATT	CATCGACATAATGA			
<i>A. barreirensis</i> - B2									G	
<i>A. barreirensis</i> - B3								T		
<i>A. barreirensis</i> - B4									G	
<i>A. barreirensis</i> - B5								T		
<i>A. barreirensis</i> - B6								T		
<i>A. barreirensis</i> - B7									G	
<i>A. barreirensis</i> - B8			G					T		
<i>A. barreirensis</i> - B9								T		
<i>A. barreirensis</i> - B10									G	
<i>A. barreirensis</i> - B11										
<i>A. barreirensis</i> - B12									G	
<i>A. funifera</i> - 1							G	A		
<i>A. funifera</i> - 2							G	A		
<i>A. funifera</i> - 3							G	A		
<i>A. funifera</i> - 4							G	A		
<i>A. funifera</i> - 5							G	A		
<i>A. funifera</i> - 6							G	A		
<i>A. funifera</i> - 8							G	A		
<i>A. funifera</i> - 9								A		
<i>A. funifera</i> - 10							G	A		
<i>A. funifera</i> - 12							G	A		
<i>A. maripa</i> - 1							CA			
<i>A. maripa</i> - 4							CA			
<i>A. maripa</i> - 5							CA			
<i>A. maripa</i> - 6							CA			
<i>A. maripa</i> - 7							CA			
<i>A. cohune</i> - AY601239.1					G					
<i>A. cuatrecasana</i> - AY601241.1					G					
<i>A. oleifera</i> - AY601238.1			G				G	A		
<i>A. allenii</i> - AJ831346.1	G				G					
<i>A. eichleri</i> - CT07				T						
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT16				T						
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT22				T						
<i>A. speciosa</i> - CT46				T						
<i>A. teixeirana</i> - hib - CT02				T				A		
<i>A. vitrivir</i> - 8BM				T						
<i>A. speciosa</i> - AY601245.1				T						
<i>A. speciosa</i> - UB10110										
<i>A. speciosa</i> - S6	C								A	
<i>A. speciosa</i> - S7										
<i>A. speciosa</i> - S9										
<i>A. speciosa</i> - S3										
<i>A. speciosa</i> - S4		C								
<i>A. speciosa</i> - S5										
<i>A. speciosa</i> - S8										
<i>A. eichleri</i> - E4				T						
<i>A. eichleri</i> - E11										
<i>A. phalerata</i> - AY601240.2		G			G					
<i>Cocos nucifera</i> - AY601235.1	G	CA				TGAGGG		A	G	T

Continuação das sequências de PRK

	310	320	330	340	350	360	370	380	390	400
A. barreirensis - B1	GACAATTAGAT	TGCTGAGTCTTATGTTCTTCAGATATCAGAATATCCATTCCTTTCTTTAGCAC	GTTTGGATTATTGACGGCTTATAGATTGCTACCCCT							
A. barreirensis - B2										
A. barreirensis - B3		.C.				G.				
A. barreirensis - B4		.C.								
A. barreirensis - B5		.C.				G.				
A. barreirensis - B6		.C.				G.				
A. barreirensis - B7		.C.								
A. barreirensis - B8		.C.				G.				
A. barreirensis - B9		.C.			A.	G.				
A. barreirensis - B10		.C.								
A. barreirensis - B11	A.	.C.		A.						
A. barreirensis - B12				A.		G.				
A. funifera - 1			C.							C.
A. funifera - 2			C.							C.
A. funifera - 3			C.							C.
A. funifera - 4			C.							C.
A. funifera - 5			C.	A.						C.
A. funifera - 6			C.						C.	A.
A. funifera - 8			C.							C.
A. funifera - 9			C.							C.
A. funifera - 10			C.							C.
A. funifera - 12	A.		C.							C.
A. maripa - 1										
A. maripa - 5				A.						
A. maripa - 6										
A. maripa - 7										
A. cohune - AY601239.1										C.
A. cuatrecasana - AY601241.1						G.				
A. oleifera - AY601238.1										
A. allenii - AJ831346.1										
A. eichleri - CT07										
A. teixeirana - hib - CT16										
A. teixeirana - hib - CT22										
A. speciosa - CT46										
A. teixeirana - hib - CT02										
A. vitrivir - 8BM										
A. speciosa - AY601245.1										
A. speciosa - UB10110	A.			A.	A.				A.	
A. speciosa - S6										
A. speciosa - S7										
A. speciosa - S9										
A. speciosa - S3										
A. speciosa - S4										
A. speciosa - S5									T.	
A. speciosa - S8									T.	
A. eichleri - E4										
A. eichleri - E11										
A. phalerata - AY601240.2										C.
Cocos nucifera - AY601235.1	A.	AC				A.	T.C.		T.	G.

Continuação das sequências de PRK

	410	420	430	440	450	460	470	480	490	500
A. barreirensis - B1	GGCAGACCCACAGAAGCAATATGCTGATGTCGTAAATTGAAGTTTTACCGACACAATTAATTCCTGATGACAAATGAAAGGAAGGTGCTGAGAGTTCGATTG									
A. barreirensis - B2	.....		A	.....						
A. barreirensis - B3	.....									
A. barreirensis - B4	.....									
A. barreriensis - B5	.....									
A. barreirensis - B6	.....									
A. barreirensis - B7	.....									
A. barreirensis - B8	.....							G	.....	
A. barreirensis - B9	.....									
A. barreirensis - B10	.....		A	.....						
A. barreirensis - B11	.....		A	.....						
A. barreirensis - B12	.....		A	.....						
A. funifera - 1	.....									C
A. funifera - 2	.....									C
A. funifera - 3	.....									C
A. funifera - 4	.....									C
A. funifera - 5	.....									C
A. funifera - 6	.....									A
A. funifera - 8	.....									C
A. funifera - 9	.....									C
A. funifera - 10	.....									C
A. funifera - 12	.....									C
A. maripa - 1	.....									
A. maripa - 4	.....									T
A. maripa - 5	.....									
A. maripa - 6	.....									
A. maripa - 7	.....									
A. cohune - AY601239.1	.....									
A. cuatrecasana - AY601241.1	.....									
A. oleifera - AY601238.1	.....									A
A. allenii - AJ831346.1	.....									
A. eichleri - CT07	.....									
A. teixeirana - hib - CT16	.....G									
A. teixeirana - hib - CT22	.....									
A. speciosa - CT46	.....									
A. teixeirana - hib - CT02	.....									
A. vitrivir - 8BM	.....									
A. speciosa - AY601245.1	.....									
A. speciosa - UB10110	.....		A	.....						
A. speciosa - S6	.....									
A. speciosa - S7	.....									
A. speciosa - S9	.....									
A. speciosa - S3	.....									C
A. speciosa - S4	.....									
A. speciosa - S5	.....									
A. speciosa - S8	.....									
A. eichleri - E4	.....		A	.....						
A. eichleri - E11	.....									
A. phalerata - AY601240.2	.....									
Cocos nucifera - AY601235.1	.....									

Continuação

das sequências de PRK

```

                    510      520      530
                    .....|.....|.....|.....|.....|.....|
A. barreirensis - B1  GTGATGAAAGAAGGGGTGAAGTACTTCGATC
A. barreirensis - B2  .....
A. barreirensis - B3  .....
A. barreirensis - B4  .....
A. barreirensis - B5  .....
A. barreirensis - B6  .....
A. barreirensis - B7  .....
A. barreirensis - B8  .....
A. barreirensis - B9  .....
A. barreirensis - B10 .....
A. barreirensis - B11 .....
A. barreirensis - B12 .....
A. funifera - 1       .....
A. funifera - 2       .....
A. funifera - 3       .....
A. funifera - 4       .....
A. funifera - 5       .....
A. funifera - 6       .....
A. funifera - 8       .....
A. funifera - 9       .....
A. funifera - 10      .....
A. funifera - 12      .....
A. maripa - 1         .....
A. maripa - 4         .....
A. maripa - 5         .....
A. maripa - 6         .....
A. maripa - 7         .....
A. cohune - AY601239.1 .....
A. cuatrecasana - AY601241.1 .....
A. oleifera - AY601238.1 .....
A. allenii - AJ831346.1 .....
A. eichleri - CT07    .....
A. teixeirana - hib - CT16 .....
A. teixeirana - hib - CT22 .....
A. speciosa - CT46    .....
A. teixeirana - hib - CT02 .....
A. vitrivir - 8BM     .....
A. speciosa - AY601245.1 .....
A. speciosa - UB10110 .....
A. speciosa - S6      .....
A. speciosa - S7      .....
A. speciosa - S9      .....
A. speciosa - S3      .....
A. speciosa - S4      .....
A. speciosa - S5      .....
A. speciosa - S8      .....
A. eichleri - E4      .....
A. eichleri - E11     .....
A. phalerata - AY601240.2 .....
Cocos nucifera - AY601235.1 .....

```