

Universidade Federal do Recôncavo da Bahia
Centro de Ciências Agrárias Ambientais e Biológicas
Bacharelado em Biologia

Lincon Mathias Andrade Rocha

DESENHO DE PRIMERS SSR (SIMPLE SEQUENCE REPEAT) PARA REGIÕES
GENÔMICAS DO TOMATEIRO (SOLANACEAE) VISANDO A TRANSFERIBILIDADE
PARA *Physalis angulata* L. (SOLANACEAE)

Cruz das Almas-BA

2019

Lincon Mathias Andrade Rocha

DESENHO DE PRIMERS SSR (SIMPLE SEQUENCE REPEAT) PARA REGIÕES
GENÔMICAS DO TOMATEIRO (SOLANACEAE) VISANDO A TRANSFERIBILIDADE
PARA *Physalis angulata* L. (SOLANACEAE)

Relatório apresentado como pré-requisito para a conclusão do Componente Curricular GCCA335- Trabalho de conclusão de curso II, do Curso de Bacharelado em Biologia, do Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas (CCAAB), da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, UFRB.

Orientadora: Prof^a. Dra. Edna Lobo Machado

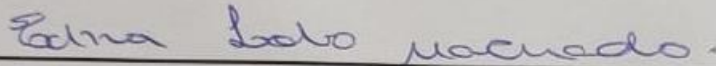
Cruz das Almas-BA

2019

Lincon Mathias Andrade Rocha

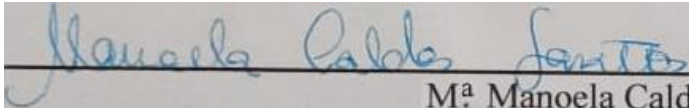
DESENHO DE PRIMERS SSR (SIMPLE SEQUENCE REPEAT) PARA REGIÕES GENÔMICAS DO TOMATEIRO (SOLANACEAE) VISANDO A TRANSFERIBILIDADE PARA *Physalis angulata* L. (SOLANACEAE)

Banca examinadora



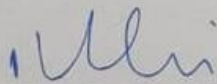
Prof. Dra. Edna Lobo Machado
(orientadora)

Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB)



M^a Manoela Caldas Santos

Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB)



Prof. Dr. Ricardo Franco Cunha Moreira

Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB)

CRUZ DAS ALMAS
DEZEMBRO-2019

Agradecimentos

É, parece que tá chegando ao fim, o medo que antes sentia parece ter sido vencido, mas eu não chegaria até aqui sem todo o apoio que me deram. Então queria agradecer a todos que fizeram parte da minha caminhada, e que de alguma forma sempre vão se lembrar de mim, pois vou lembrar de vocês.

Agradeço a Deus por me sustentar em todos os momentos difíceis que passei, mas ainda assim venci.

Agradeço imensamente aos meus pais Núbia Gleí Martins de Andrade Rocha e ao meu pai Normande Nunes Rocha, por sempre me impulsionarem a não desistir, e a ser cada dia mais forte, e saber lidar com as adversidades, mesmo em momentos que a vontade de desistir gritava mais alto. Obrigado a vocês dois, minhas noites não seriam as mesmas sem a velha frase, “Boa noite meu filho, que Deus te guie, ilumine, abençoe e livre de todos os “males”, amém!”.

Um agradecimento muito especial a minha Professora orientadora Edna Lobo Machado, por ter me dado uma chance e apostado em um sucesso que ainda não sei se alcancei, mas espero alcançar, por todo o nosso esforço. Obrigado por desenvolver em mim esse amor pela biologia celular que é a melhor disciplina do mundo. E por sempre depositar essa confiança que me faz até acreditar em mim, as vezes.

Obrigado a equipe de professores da UFRB que me ajudaram nessa jornada, espero me reencontrar com cada um de vocês em breve e poder contar minhas próprias experiências.

Agradeço aos meus colegas de turma, na verdade mais que colegas, amigos, que levarei pra vida toda. Que tornaram meus dias mais leves e sempre estiveram ao meu lado. Em especial, agradeço a três amigos, que só eu sei o quanto me ajudaram, obrigado Tais Arrais, Ruana Chaves e Manoela Caldas, por serem meus anjos da guarda em todo esse percurso corrido.

Agradeço aos meus amigos Vitor Lucas e Bruna Bispo, que vieram comigo e voltarão comigo, mostramos o que é uma verdadeira amizade, e sempre estiveram presentes em momentos tristes e momentos felizes, e que em momento algum me abandonou, até na hora de engordar junto estaremos unidos, pois é assim que somos.

Pra não me estender mais, agradeço a todos que não cheguei a citar aqui, e acredite, são muitos, por cada experiência que me proporcionaram e muito sucesso pra todos nós.

ROCHA, Lincon Mathias Andrade, **DESENHO DE PRIMERS SSR (SIMPLE SEQUENCE REPEAT) PARA REGIÕES GENÔMICAS DO TOMATEIRO (SOLANACEAE) VISANDO A TRANSFERIBILIDADE PARA *Physalis angulata* L. (SOLANACEAE)**

Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, 2019.

Orientadora: Prof.^a Dra. Edna Lobo Machado

RESUMO

O presente estudo buscou desenvolver marcadores moleculares do tipo SSR (simple sequence repeat) a partir do vasculhamento do genôma do tomateiro (*Solanum lycopersicum*), espécie pertencente a família das solanaceae, visando sua possível aplicação na espécie *Physalis angulata*, espécie bastante conhecida pelos seus benefícios alimentícios, medicinais e comerciais. Com o auxílio de ferramentas de bioinformática de um banco de dados foi possível desenvolver marcadores microsátelites a partir do genoma sequenciado do Tomateiro, estas sequências estão depositadas no GenBank do National Center for Biotechnology Information (NCBI), a partir delas foram desenhados primers no aplicativo Websat. Ao todo foram geradas 1000 módulos de marcadores SSRs, aos quais tiveram sua qualidade aferida pelo aplicativo NetPrimer. Dentre esses marcadores, foram selecionados 120 *primers* classificados como ótimos dentro dos parâmetros utilizados. Dentre as regiões microsátelites analisadas do tomateiro, houve uma predominância de repetições: dinucleotídeos 43,26%, com motivos predominantes de AT/TA em 79,91%; trinucleotídeos com 36,77% e hexanucleotídeos com 11,60%. Os primers desenhados apresentaram uma concentração média de CG% de 46,32%, classificados como ótimo na literatura. Esse estudo reforça a importância da utilização de ferramentas de bioinformática no vasculhamento de genomas já sequenciados, enfatizando dentre outras aplicações o desenvolvimento de marcadores, além de ser uma alternativa para estudos genéticos de espécies cujo genôma ainda não foi sequenciado, permitindo uma possibilidade de transferibilidade entre espécies relacionadas contribuindo dessa forma para o estudo de variabilidade genética destas.

Palavras-chave: Marcadores microsátelites, espécies correlatas, bioinformática

ROCHA, Lincon Mathias Andrade, **SSR PRIMERS (SIMPLE SEQUENCE REPEAT) DESIGN FOR TOMATOAN (SOLANACEAE) GENOMIC REGIONS FOR TRANSFERIBILITY FOR *Physalis angulata* L. (SOLANACEAE)**

Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, 2019.

Orientadora: Prof.^a Dra. Edna Lobo Machado

ABSTRACT

The present study aimed to develop SSR (simple sequence repeat) molecular markers from the tomato genome (*Solanum lycopersicum*), a species belonging to the solanaceae family, aiming at its possible application in *Physalis angulata*, a species well known for its benefits. food, medicinal and commercial products. With the help of bioinformatics tools from a database it was possible to develop microsatellite markers from the sequenced Tomato genome, these sequences are deposited in the National Center for Biotechnology Information (NCBI) GenBank, from which they were drawn primes in the Websat application. . In all, 1000 SSR marker modules were generated, which had their quality assessed by the NetPrimer application. Among these markers, 120 primers classified as optimal within the parameters used were selected. Among the analyzed microsatellite regions of tomato, there was a predominance of replications: dinucleotides 43.26%, with predominant AT / TA motifs in 79.91%; trinucleotides with 36.77% and hexanucleotides with 11.60%. The primers designed had a mean concentration of CG% of 46.32%, classified as excellent in the literature. This study reinforces the importance of using bioinformatics tools in the search of already sequenced genomes, emphasizing among other applications the development of markers, besides being an alternative for genetic studies of species whose genome has not yet been sequenced, allowing a possibility of transferability between genomes. related species thus contributing to the study of their genetic variability.

Keyword: Related species, microsatellite markers, bioinformatics

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	8
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	13
2.1 Recuperação de regiões genômicas de <i>S. lycopersicum</i>	13
2.2 Identificação das regiões microssatélites	13
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	14
4. CONCLUSÃO.....	18
5. REFERÊNCIA	19
6. ANEXO	25

1. INTRODUÇÃO

A Solanaceae é uma família de plantas reconhecidas mundialmente, compreendem um pouco mais de 3000 espécies. Dentre tantas espécies o tomate (*Solanum lycopersicum* L.) é um dos vegetais mais cultivados no mundo, para fins comerciais, seja para consumo in natura, cozido ou processado (PADMANABAHN et. al, 2016, RODRIGUES et. al., 2019). A família das solanáceas ainda apresenta espécies bastante conhecidas como batata, pimentão, berinjela e tabaco.

O tomateiro (*Solanum lycopersicum*) é uma hortaliça apreciada e cultivada em praticamente em todas as regiões do Brasil (Figura 1) (TAKARASHI et al., 2015). O Brasil está entre os 10 maiores produtores de tomate do mundo, entre os anos de 2010 à 2017 a produção de tomate pelo Brasil foi em média aproximadamente 4,2 milhões de toneladas (FAO, 2019).



Figura 1: *Solanum lycopersicum* (Tomateiro). Fonte: Patro (2013)

A grande escala de produção e os benefícios da hortaliça fizeram com que diversos estudos genéticos surgissem ao seu respeito. E graças ao sequenciamento completo de seu genoma foi possível avançar em estudos de variabilidade genética e melhoramento genético, pois a partir do DNA sequenciado é possível criar iniciadores específicos para identificação de regiões ricas em microssatélites (MACHADO, 2013).

Outra espécie pertencente à família solanácea e de grande relevância para estudos moleculares é *Physalis angulata* L. (Figura 2). Esta espécie é um arbusto e pode ser encontrada em todo o mundo em regiões tropicais e subtropicais (SUN et. al., 2011). A espécie não é nativa do Brasil, mas já passou por um processo de naturalização e possui uma ampla distribuição geográfica, podendo ser encontrada em diversas fisionomias vegetais (FLORA DO BRASIL, 2019).



Figura 2: *Physalis angulata* L. Fonte: Patro (2014)

O gênero *Physalis*, apresenta cerca de 90 espécies já descritas (MARTÍNEZ, 1998), que destacam-se por sua extrema importância econômica e biológica, estudos abordam um composto a fisalina, que é capaz de tratar e/ou curar doenças como malária, reumatismo, hepatite, asma (ADAMS et al. 2009) além de tratamentos, anti-inflamatórios e antinociceptivos (CHIO, HWANG, 2003), atividade antimicrobiana (LOPES et al., 2006), anticancerígena (RIBEIRO, 2002), revelando-se espécies promissoras que deveriam ser tratadas como um recurso genético de grande potencial (CHIO E HWANG, 2003; BASTOS, 2006; SUN et. al., 2011; SILVA et. al., 2018; RIVERA, 2018; MEDINA-MEDRANO et al., 2012).

Entretanto, a carência de estudos moleculares resulta na baixa existência de marcadores moleculares para o gênero *Physalis*, o que limita o avanço em estudos de diversidade e variabilidade genética da espécie (WEI; HU; YANG; YANG. 2012). Com o advento da Biologia Molecular e sequenciamento de genomas, estudos para desenvolvimento e aplicação de marcadores moleculares são importantes para informações sobre a variabilidade genética interpopulacional dentro do gênero (MEDINA-MEDRANO et al., 2012).

É certo que o número de pesquisas envolvendo estudos genômicos vem crescendo constantemente, e para que não haja redundância de informação entre as pesquisas científicas, foi-se necessário a criação de bancos de dados, os quais servem para armazenar sequências de DNA, genomas inteiros, proteínas dentre outros produtos de estudos genômicos. O NCBI (National Center for Biotechnology Information) é um exemplo de banco de dados central de informações genômicas (OLIVEIRA et. al., 2011).

São a partir desses bancos que *Primers* podem ser desenvolvidos a partir da sequência do genoma de espécie que desejar estudar (OLIVEIRA, 2015). As regiões de interesse no genoma podem ser selecionadas através de programas de bioinformática, como o GeneFisher (Giegerich, Meyer, Schleiermacher, 1996), SSR locator (MAIA et al., 2008), Websat (MARTINS et. al., 2009), Genome-wide Microsatellite Analyzing Tool (GMATA) (WANG; WANG, 2016). Seja qual for o programa utilizado, é necessário que a sequências estejam em formato FASTA, que se trata de representar em texto as bases de nucleotídeos.

Um exemplo de marcador molecular amplamente utilizados em espécies vegetais é o marcador SSR. Este marcador permite identificar os níveis de variação das regiões microssatélites que se encontram dentro do genoma, tais regiões consistem em repetições de nucleotídeos simples, e apresentam como principal vantagem a alta variabilidade que é capaz de detectar (BECERRA et al., 2010).

A utilização desses programas tornou-se uma alternativa barata e eficiente na identificação de regiões microssatélites uma vez que se conhece o genoma estudado, por isso a crescente tendência em se utilizar sistemas de análises de dados disponibilizados na WEB, ao qual será necessário apenas a infraestrutura computacional e um acesso à internet, além do que sites que apresentam esse sistema de banco de dados são constantemente atualizados possibilitando o uso de versões sempre recentes (MALONE et al., 2006).

Segundo Martins et al. (2009), o acesso aos programas desenvolvedores costumam ser gratuitos, o Websat utiliza como programa localizador de SSR o TROLL pois este seleciona as regiões mais úteis para microssatélites. As sequências encontradas são coloridas de amarelo e sublinhadas, ao clicar em

uma delas o programa gerador do primer projeta um par de primers flanqueadores do SSR.

Os microssatélites são curtas repetições no DNA, estão distribuídos amplamente pelo genoma e são dentre os marcadores moleculares, os mais polimórficos (WEBER, 1999, MORGANTE; HANAFEY; POWELL, 2002).

Esses marcadores se mostram eficientes na análise de estudos que envolvem a diversidade genética de espécies, e por isso são amplamente utilizados (BENOR, 2008). Estes podem ser classificados segundo o número de nucleotídeos que possuem, sendo eles, mono, di, tri, tetra, penta e hexanucleotídeo (GIEGERICH; MEYER; SCHLEIERMACHER, 1996).

Entretanto os marcadores microssatélites tem alto custo e longo tempo de desenvolvimento, pois há uma série de etapas que precisam ser cumpridas para desenvolver *primers* específicos além do que uma mão de obra capacitada (OLIVEIRA et al., 2006; BECERRA, 2010; WEBER, 2016).

Entretanto quando se tem conhecimento do genoma da espécie é possível desenvolver esses marcadores por um baixo custo (VARSHERNEY; GRANER; SORRELLES, 2005).

Segundo Kalia et al. (2010), a transferibilidade entre espécies pode acontecer dentro de um mesmo gênero ou até da mesma família. Isso ocorre principalmente devido a presença dos êxons no DNA, que se manteve durante a evolução pois apresenta alto grau de conservação entre as espécies.

A transferibilidade já foi feita entre os níveis de espécie>gênero>família, em animais e plantas. Nos animais os resultados de transferibilidade são melhores dentro do nível de gênero, mas apresenta sucesso mesmo em nível de família, entretanto, nas plantas difere-se a taxa de transferibilidade dentro dos gêneros que apresentam taxa de sucesso de 60% para eudicotiledônia enquanto para dicotiledônia 40%, já entre gêneros a taxa de transferibilidade é de 10% para eudicotiledônia e nem um registro apresentado para monocotiledônea (BARBARA et al, 2007; BUSO et al., 2016). Isso não impedem que estudos sejam feitos, uma vez que estudos recentes no desenvolvimento e validação de marcadores microssatélites a partir de ferramentas de bioinformática mostraram-

se bastante positivos (FERREIRA et al., 2012; MACHADO, 2013; BUSO et al., 2016).

Assim, o genoma do tomateiro, que já está sequenciado e disponível do GenBank, pode ser utilizado para desenho de *primers* SSR para serem aplicados em *P. angulata*, estudos tem revelado que é possível a trasferibilidade de marcadores microssatélites entre espécies ou entre gêneros (MENDES, 2017).

Estudos corroboram com a possibilidade de transferibilidade entre o tomateiro e o gênero *Physalis*. No trabalho desenvolvido por Wei e colaboradores (2012), foram utilizados 97 marcadores moleculares, dentre eles 25 eram do tipo SSR, que se mostraram compatíveis, demonstrando que há regiões genômicas semelhantes (conservadas) entre *Solanum lycopersicum* e *Physalis*. Entretanto, são poucos estudos envolvendo o desenvolvimento de marcadores microssatélites a partir do genoma do tomate, como também estudos em relação a transferibilidade de outros marcadores para o genero *physalis*.

Portanto o presente estudo objetivou a utilização da Bioinformática como ferramenta para o desenvolvimento de primers utilizando o genoma de *Solanum lycopersicum*, visando a transferibilidade para *Physalis angulata* L., afim de avaliar a variabilidade genética e contribuir com o melhoramento genético e estudos de diversidade genética da espécie.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Recuperação de regiões genômicas de *S. lycopersicum*.

Foram utilizadas as sequências do genoma do tomateiro, que estão armazenadas no GenBank do National Center for Biotechnology Information NCBI (National Center for Biotechnology Information, 2019) em formato FASTA para a identificação das regiões microssatélites.

2.2 Identificação das regiões microssatélites

A identificação das regiões genômicas contendo os microssatélites foram feitas utilizando o aplicativo Websat (MARTINS et. al., 2009), que se trata de um programa capaz de reconhecer as sequencias do genoma no formato FASTA, e identificar as regiões SSR de acordo com os parâmetros desejados.

Os parâmetros adotados para a identificação das regiões SSR foram os seguintes: SSRs compostos por motivos dinucleotídeos, com no mínimo de 7 repetições por motivo; 5 repetições para tri, tetra e pentanucleotídeos; e SSR composto por hexanucleotídeos, com no mínimo três repetições por motivo, assim como no trabalho de Machado e Silva (2013).

Com a finalidade de realizar uma possível padronização das reações de PCR, foram utilizados os seguintes critérios na seleção dos pares de iniciadores: (i) o produto final da amplificação deveria estar no intervalo de 150 a 300 pares de bases (pb), que é um tamanho compatível com eletroforese em géis de poliacrilamida a 7% corados com nitrato de prata; (ii) os tamanhos dos iniciadores deveriam estar entre 19 a 22 pares de base (pb); (iii) a porcentagem de Guanina e Citosina (CG) deveria estar no intervalo de 40 a 60%; (iv) a temperatura de melting (T_m) deveria estar entre 55 a 62°C e com diferença máxima de 1°C entre os iniciadores de cada par.

A qualidade do desenho dos iniciadores, que flanqueiam as regiões microssatélites, foi verificada por meio do aplicativo web NetPrimer

(<http://www.premierbiosoft.com/netprimer/>). Os mais adequados foram selecionados e são recomendados para síntese.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Mil de sequências microsatélites foram identificadas no genoma do tomateiro após o vasculhamento dos 12 cromossomos da espécie, sequências disponíveis no GemBank para análise.

Desse total, observou-se a ocorrência dos diferentes tipos de repetições, os quais os SSRs de dinucleotídeos foram os mais abundantes (48,26%), seguido dos trinucleotídeos (36,77%) e hexanucleotídeos (11,60%). Já as repetições de tetranucleotídeos e pentanucleotídeos se mostraram pouco presentes em genoma de tomateiro (1,77% e 1,60%, respectivamente) (Figura 3). Resultados similares foram encontrados por Gupta et al. (2010) e Falcão et al. (2004). Esses pesquisadores trabalharam também com a espécie *Solanum lycopersicum* e mostraram que a porcentagem de dinucleotídeos, trinucleotídeos e hexanucleotídeos também foram maiores, entretanto apresentaram mais regiões de trinucleotídeos que de dinucleotídeos. As sequências tetranucleotídicas e pentanucleotídicas ainda foram menos frequentes, não apenas em estudos na espécie de *Solanum lycopersicum*, mas também em espécies florestais de *Quercus rubul* (fagaceae) (FILIZ; KOC; SAKINOGLU, 2012) e *Eucalyptus globulus* (Myrtaceae) (ACUNÃ et al., 2012).

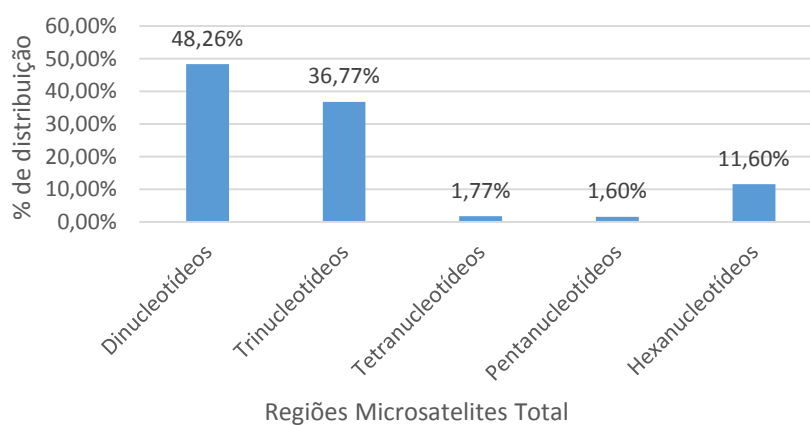


Figura 3. Porcentagem de repetições microsatélites no genoma do tomateiro.

Foram selecionados desenhos de 120 pares de iniciadores SSR, sendo 10 sequências de cada um dos 12 cromossomo (Anexo 1). Os iniciadores apresentaram uma porcentagem média de GC igual a 46,32%. Segundo Queiroz (2017), porcentagens de GC abaixo de entre 40% à 60% na composição de primers são ideais. Resultados semelhantes foram encontrados por Machado e Silva (2013), com concentração de GC média de 47,29% em especie de mamoeira.

Dentre os pares de iniciadores selecionados para tomateiro, foi observado grande diferença na abundância relativa aos motivos de repetições específicas. O motivo de maior abundância foi o de AT/TA (79,63%), seguido de CT/TC (9,26%), AG/GA (5,56%), GT/TG (3,70%), AC/CA (1,85%) (Figura 4). Motivos de repetições CG/GC não foram encontrados no genoma do tomateiro. Maior frequência de AT/TA seguido de CT/TC e AG/GA, também foram encontrados por Gupta (2010) em seu estudo também com tomate. Benor (2008) também confirmou a predominância de motivos de AT/TA seguido de GA dentre as sequências de dinucleotídeos mais comuns em plantas.

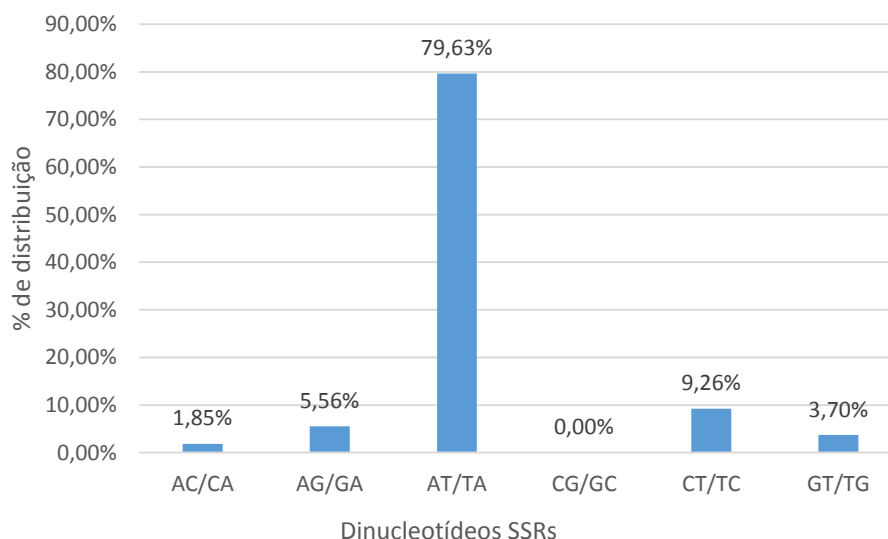


Figura 4. Distribuição dos motivos de repetições de dinucleotídeos dos SSRs em tomateiro.

No estudo desenvolvido por Maia et al. (2009), os motivos de CG/GC nas espécies de Solanaceae foram completamente ausentes, dando indício que esse tipo de repetição pode ser pouco comum.

O motivos de Trinucleotídeos mais abundantes foram AAT/ATA/ATT/TAA/TAT/TTA (31,91%), seguido de CCT/CTC/CTT/TCC/TCT/CTT (25,53%), AAC/ACA/ACC/CCA/CAC/CAA (17,02%), AAG/AGA/AGG/GGA/GAG/GAA (8,51%) e GTT/GTG/GTT/TTG/TGT/GTT (8,51%) (Figura 5). Resultados semelhante foram obtidos por Maia et al. (2009).

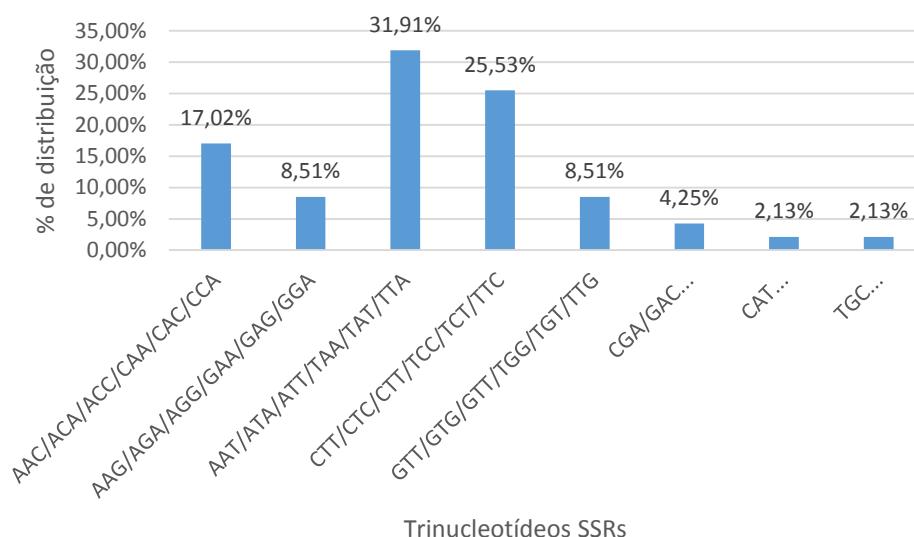


Figura 5. Distribuição dos motivos de repetições trinucleotídeos de SSRs em tomateiro.

Foi obtido apenas 1 motivo de tetranucleotídeo, TTAA. E dois motivos de pentanucleotídeos TATTA e TTTAG estão presentes em proporções iguais, respectivamente, 50% cada. Em motivos SSRs de hexanucleotídeos foi observado maior frequência dos motivos GATTAT/AAGATG/ATGATA (37,5%) (Figura 6). As frequências de tetranucleotídeos e pentanucleotídeos foram

menos frequentes também para as famílias Brassicaceae, Solanaceae e Poaceae (MAIA et al., 2009).

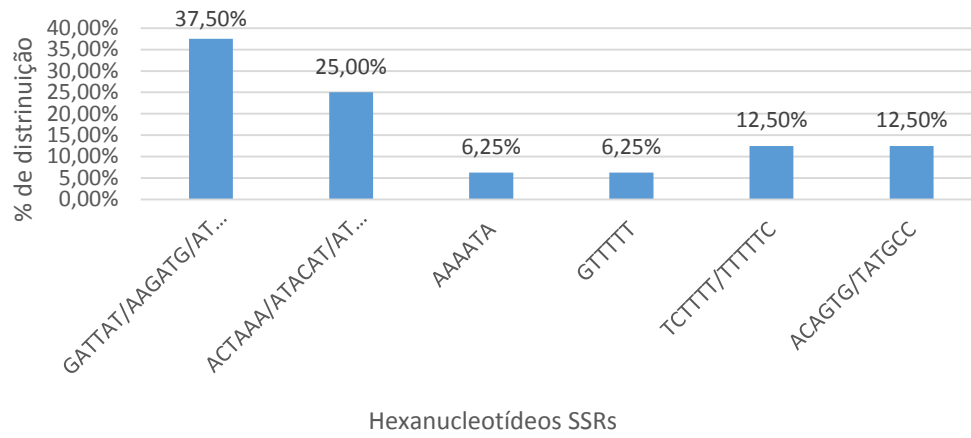


Figura 6. Distribuição dentre os motivos de hexanucleotídeos em SSR de tomateiro.

4. CONCLUSÃO

Assim, o presente estudo contribui com um aumento significativo no número de primers SSR de tomateiro para possível transferibilidade em *P. Angulata*, espécie de extrema importância alimentícia, nutricional e farmacêutica.

Os resultados obtidos trazem uma ideia de organização de genoma em *Solanum lycopersicum* bem como o uso de estratégias para estudos genético de plantas e possível transferibilidade de uma espécie modelo para a espécie que se deseja estudar.

Dentre os microssatélites selecionados observou-se predominância dos dinucleotídeos, trinucleotídeos e hexannucleotídeos. Dentre os motivos mais frequentes observasse que há predominância de AT/TA visto que é bastante comum em genomas de plantas.

5. REFERÊNCIA

- ACUÑA, C. V., FERNANDEZ, P., VILLALBA, P. V., GARCÍA, MARTÍN N., HOPP H. E., POLTRI, S. N. M. Discovery, validation, and in silico functional characterization of EST-SSR markers in *Eucalyptus globulus*. **Tree genetics and genomics**. Vol. 8, pags. 289-301, 2012
- ADAMS, M.; BERSET, C.; KESSLER, M. Medicinal herbs for the treatment of rheumatic disorders – A survey of European herbals from the 16th and 17th century. **Journal of Ethnofarmacologi**. Vol. 121, pags. 343-359, 2009.
- BARBARÁ, T., PALMA-SILVA, C., PAGGI, G. M., BERED, F., FAY, M. F., LEXER, C. Cross-species transfer of microsatellites **Molecular Ecology**, Vvol.16, pags.3759–3767, 2007
- BASTO G. N. T.; SANTOS A. R. S.; FERREIRA V. M. M.; COSTA A. M. R.; BISPO C. I.; SILVEIRA A. J. A.; NASCIMENTO J. L. M. Antinociceptive effect of the aqueous extract obtained from roots of *Physalis angulata* L. on mice. **Journal of Ethnopharmacology**, Vvol.ume 103, pages 241-245. 2006
- BASTOS G. N. T.; SILVEIRA A. J. A.; SALGADO C. G.; PICANÇO-DINIZ D. L. W.; NASCIMENTO J. L. M. *Physalis angulata* extract exerts anti-inflammatory effects in rats in inhibiting different pathways. **Journal of Ethnopharmacology**, Vol.volume 118, pages. 246-251. 2018
- BECERRA E. M. V.; RUIZ R. M.; ANDADE H. G. Marcadores genéticos aplicados al mejoramiento genético vegetal. **Estudios y propuestas para el medio rural**. 1º edicion. 2010
- BENOR, S., ZHANG, M., WANG, Z., ZHANG, H. Assessment of genetic variation in tomato (*Solanum lycopersicum* L.) inbred lines using SSR molecular markers. **Journal Genetics and Genomics**, vol. 35, pages 373-379, 2008
- BUSO, G. S. C., CARVALHO, N., LEITE, P. H. S., CANELA, F. M., SOUZA, J., DUSI, D. M. A., TOGAWA, R. C., AMARAL, Z. P. S., CHIARI, S., CARNEIRO, V. T. C. Transferibilidade de primers microssatélites desenhados de sequencias expressas de *Brachiaria Brizantha* para *B. decumbens* e *B. humidicola*. **Comunicado técnico 202**, novembro, 2016.
- CHIO E.; HWANG J. Investigation of anti-inflammatory and antinociceptive activites of *Piper cubeba*, *Physalis angulata* and *Rosa hybrida*. **Journal of Ethnopharmacology**, vol.ume 89, pages 171-175. 2003.

- FALCÃO C. L., PAPAS, M. C. R., LOURENÇO, R. T., ALENCAR, M. M., BATISTA, A. R. S., PAPAS JR, G. J. Desenvolvimento e mapeamento de microssatélites derivados de ESTs em *Eucalyptus*. **Circular Técnica 32**, Brasília DF, Dezembro, 2004
- FAO, 2019. Disponível em <<http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC/visualize>> Acessado em: 25/11/19
- FERREIRA, M., LIRA, I. D. S., de AQUINO, D. A. L., PASSOS, L., da SILVA, M. L., & ARAÚJO, C. D. L. Seleção de bucha vegetal para produção de esponjas. In **Embrapa Semiárido-Artigo em anais de congresso (ALICE)**. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE RECURSOS GENÉTICOS, 2., 2012, Belém, PA. Anais... Brasília, DF: Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos, 2012.
- FILIZ, E., KOC, I., SAKINOGLU, F. C. In silico EST-SSRs Analysis in UniGene of *Quercus robur* L. **Research in Plant Biology**, Vol. 2(6), pags.: 01-09, 2012.
- Flora do Brasil 2020 em construção.** Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Disponível em: < <http://floradobrasil.jbrj.gov.br/> >. Acesso em: 21 Out. 2019.
- GIEGERICH, R.; MEYER, F; SCHLEIERMACHER, C. GeneFisher: software support for the detection of postulated genes. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON INTELLIGENT SYSTEMS FOR MOLECULAR BIOLOGY, 4.; 1996. Proceedings... BethesdaMD: NCBI. pags. 68-77, 1996. Disponível em: <<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/8877506>>. Acesso em: 27/11/2019
- GUPTA, S. K., BANSAL, S., VAYDIA, U. J., GOPALAKRISHNA, T. Development of EST-derived microsatellite markers in mungbean [*Vigna radiata* (L.) Wilczek] and their transferability to other *Vigna* species. **Indian J. Genet.**, Vol. 72 pags.: 468-471, 2012
- GUPTA, S., TRIPATHI, K. P., ROY, S., SHARMA, A. Analysis of unigene derived microsatellite markers in family solanaceae. **Bioinformation**. Vol. 5, pags.113-121, 2010
- ISERTE, J. A.; STEPHAN, B. I.; GOÑI, S. E.; BORIO, C. S.; GHIRINGHELLI, P.. D. LOZANO, M. E. Family-specific degenerate primer design: a tool to design consensus degenerated oligonucleotides. In: **Biotechnology Research International**. 2013. Disponível em: <<http://www.hindawi.com/journals/btri/2013/383646/>>. Acesso em: 27 de novembro 2019.

- KALIA, R. J.; RAI, M. K.; KALIA, S.; SINGH, R.; DHAWAN, A.K. Microsatellite markers: an overview of the recent progress in plants. **Euphytica**. Vol. 177, pags.309–334, 2010.
- LOPES, D. C. D. X. P., FREITAS, Z. M. F., SANTOS, E P., TOMASSINI, T. C. B. Atividades antimicrobiana e fototóxica de extratos de frutos e raízes de *Physalis angulata* L. **Revista brasileira de farmacologia**. Vol. 16, pags 206-210, 2006.
- MACHADO, E. L., SILVA, S. A. Desenho e validação de marcadores microsatélites SSR para mamoneira. **Pesquisa. agropecuaria. Bbrasileira.**, Brasília, Vvol. 48, n.11, pags.1457-1463, 2013.
- MAIA, L. C., SOUZA, V. Q., KOPP, M. M., CARVALHO F. I. F., OLIVEIRA, A. C. Tandem repeat distribution of gene transcripts in three plant families. *Genetic and molecular biology*. Vol. 32, 4, pags. 822- 833, 2009.
- MAIA, L. C.; PALMIERE, D. A.; SOUZA, V. Q.; KOPP, M. M.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA A. C. SSR Locator: Tool for Simple Sequence Repeat Discovery Integrated with Primer Design and PCR Simulation. Hindawi Publishing Corporation. **International Journal of Plant Genomics**. Article ID 412696, 9 pages, 2008. doi:10.1155/2008/412696
- MALONE, G., ZIMMER, P. D., MENEGHELLO, G. E., BINNECK, E., PESKE, S. T. Prospecção de genes em bibliotecas de cDNA. **R. Bras. Agrociência**, Pelotas, Volv. 12, n. 1, pages. 07-13, jan-mar, 2006.
- MARTINS W. S.; LUCAS D. C. S.; NEVES K. F. S.; BERTIOLI D. J. WebSat - A web software for microsatellite marker development. **Bioinformation**, volume 3, pages. 282-283,. 2009.
- MEDINA-MEDRANO J. R.; ALMARAZ-ABARCA N.; REYES-MARTINEZ A.; BERIADA-BERNAL L. G.; DELGADO-ALVARADO E. A.; RIVEIRA-RODRIGUES D. M.; COBELEDA-VALESCO M. El género *Physalis* en durango: Revisión de la distribución y uso. **Centro Interdisciplinario de Investigación para el Desarrollo Integral Regional**, Instituto Politécnico Nacional. 2012.
- MENDES L. M. O.; PEREIRA C. C. O.; SILVEIRA R. D. D.; CUNHA P. C. R.; MENEZES I. P. P.; Transferibilidade de marcadores microsatélites nucleares de *digitaria exilis* para *d. Insularis*. **VI Congresso Estadual de Iniciação Científica e Tecnológica do IF Goiano**. Campos Urutaí. 2017. ISSN: 2447-2344 - DOI: 10.29327/15229, 2017.

- MORGANTE, M., HANAFEY, M., POWELL, W., "Microsatellites are preferentially associated with nonrepetitive DNA in plant genomes," **Nature Genetics**, vol. 30, no. 2, pagesp. 194–200, 2002.
- NATIONAL CENTER FOR BIOTECNOLOGY INFORMATION. **NCBI shotgun assembly sequences.** Available at: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/assembly/GCF_000188115.4> accessed on 23 de outubro de 2019.
- OLIVEIRA, E. J.; PÁDUA, J. G.; ZUCCHI, M. I.; VENCOVSKY, R.; VIEIRA, M. L. C. Origin, evolution and genome distribution of microsatellites. **Genetics and Molecular Biology**, Volv. 29, n. 2, pags. 294-307, 2006.
- OLIVEIRA, E. M. M.; OLIVEIRA, T. C.; LIMA, I. S.; SANTOS, T. F., Utilização de ferramentas de bioinformática na construção de primers para detecção de sequencias específicas de DNA. Rio de Janeiro. **Embrapa agroindústria de alimentos**, 2011.
- OLIVEIRA, E. M. M.; OLIVEIRA, T. C.; SOUZA, A. M., SANTOS, T. F., LIMA, I. S., Desenhos de *primers* degenerados através de bioinformática. **Comunicado técnico 208**, Rio de Janeiro, 2015.
- PADMANABHAN P.; CHEEMA A.; PALIYATH G. Solanaceous fruits including Tomato, Eggplant, and Peppers. **Encyclopedia of food and health**, Vol. 5, pages 24-32,. 2016.
- PATRO, R., 2013. *Tomate- Solanum lycopersicum*. Disponível em <<https://www.jardineiro.net/plantas/tomate-solanum-lycopersicum.html>> acessado em: 18/ 12/2019.
- PATRO, R., 2014. *Fisalis-Physalis sp.* Disponível em <<https://www.jardineiro.net/plantas/fisalis-physalis-sp.html>> Acessdo em: 18/12/2019.
- QUEIROZ, J. A. S., ALVES, L. S., DALL'ACQUA, D. S. V., SOUZA, L. F. B. Desenho e Validação de Primers In Silico para Detecção do Vírus Sincicial Respiratório Humano. *Revista FIMCA*. Vol.lume 4, pags. 17-30. Número 1. Dezembro, 2017.
- RIBEIRO, I.M.; SILVA, M.T.G.; SOARES, R.D.A.; STUTZ, C.M.; BOZZA, M.; TOMASSINI, T.C.B. *Physalis angulata* L. antineoplastic activity, in vitro, evaluation from it's stems and fruit capsules. **Revista Brasileira de Farmacologia**. n. 12 (Supl. 1), p. 21-23, 2002.
- RIVEIRA D. E.; OCAMPO Y. C.; CASTRO J. P.; BARRIOS L.; DIAZ F.; FRANCO L. A.; A screening of plants used in colombian traditional medicine the

- revealed anti-inflammatory potential of *Physalis angulata* calyces. **Journal of Biological Sciences**. Vol. 26, pags. 1758-1766, 2018.
- RODRIGUES A. A. Z.; QUEIROZ M. E. L. R.; NEVEZ A. A.; OLIVEIRA A. F.; PRATES A. H. F.; FREITAS J. F.; HELENO F. F.; FARONI R. L. D.; Use of ozone and detergent for removal pesticides and improving storage quality of tomato. **Food Research international**, Vol.ume 125. 2019.
- SILVA B. J. M.; PEREIRA S. W. G.; RODRIGUES A. P. D.; NASCIMENTO J. L. M.; SILVA E. O. *In vitro* antileshmanial effects of *Phisalis angulata* root extract of *Leshmania infantum*. **Journal of Integrative Medicine**, Vvol.ume 16, pages. 404- 410. 2018.
- SOUZA F. P.; LIMA E. C. S.; LEITE N. G.; UREA-ROJAS A. M.; YAMACHITA A. L.; PANDOLFI V. C. F.; LOPERA-BARRETO N. M. Transferibilidade de iniciadores microssatélites hierólogos em *Bricon goldingi*. **Ciência Rural**, Vvol. 48, nº 11. 2018.
- SUN L.; LIU J.; LIU P.; YU Y.; MA L.; HU L. Immunosuppression effect of withangulation A from *Physalis angulata* via heme oxygenase 1-dependent patwais. **Process Biochemistray**, Vol.ume 46, pages., 482-488. 2011.
- TAKAHASHI K; CARDOSO A. I. I. 2015. Produção e qualidade de mini tomate em sistema orgânico com dois tipos de condução de hastes e poda apical. **Horticultura Brasileira**. Vol. 33, pags. 515-520, 2015. 33: 515-520 DOI - <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-053620150000400018>
- VARSHNEY, R.K.; GRANER, A.; SORRELLS, M.E. Genic microsatellite markers in plants: features and applications. **TRENDS in Biotechnology**, Vol v.23, nº1, 2005
- WANG, X.; WANG L., GMATA: An Integrated Software Package for Genome-Scale SSR Mining, Marker Development and Viewing. **Front. Plant Sci**. Vol. 7, pag.:1350,. 2016.
- WEBER, G. G. transferibilidade de marcadores microssatélites entre espécies de asteraceae e sua utilidade na obtenção de dados genéticos-populacionais. 2016.
- WEBER, J. L. Informatimiveness of human (dC-dA)n. (dGdT)N Polymorphisms. **Genomics**, Vol.7, pags. 524-530, 1990.
- WEI, J., HU, X., YANG, J., YANG, W. Identification of Single-Copy Orthologous Genes between *Physalis* and *Solanum lycopersicum* and Analysis of

Genetic Diversity in *Physalis* Using Molecular Markers. **PLOS ONE**. Vol. 7, pags. 01-09, 2012.

6. ANEXO

Tabela 1. Iniciadores SSR desenhados a partir de sequencias do genoma do Tomateiro (*Solanum lycopersicum*) depositadas no GenBank/NCBI

Crom		Sequencia 5'-3'	Tm (°C)	GC%	Motivo	Produto	Tipo de repetição	
Crom 1	SI1	Left	CCCACCCCTCTCTCTCTAT	56,53	57,14	(TG) ₁₂	279	Dinucleotídeo
		Right	CTTCCAACACAGCCAAATCTT	57,05	42,86			
	SI2	Left	ATTGGGAAAGGAGGAAGCA	56,97	47,37	(GAA) ₆	258	Trinucleotódeo
		Right	TGAACGACACATCTCTTTAGGG	57,09	45,45			
	SI3	Left	AGACGAAAGGATGAGAGAAAAC	54,86	40,91	(AT) ₂₄	244	Dinucleotídeo
		Right	GTGGAGATTACGAACAAAGACA	54,66	40,91			
	SI4	Left	CATAGGGTGGAAATAATGAGGC	58,33	45,45	(GATTAT) ₆ e (TATTA) ₅	150	Hexanucleotídeo
		Right	ACCTTTGGATTCTCACTTGTGG	58,34	45,45			
	SI5	Left	TTGTTAGGTTGTGGAGTCTGAT	54	40,91	(TA) ₉	280	Dinucleotídeo
		Right	GCCTTTTAGTAGGATTCTTGGT	54,75	40,91			
	SI6	Left	ACTTTACCAACAACCATCCCC	58,07	47,62	(TTC) ₈	278	Trinucleotódeo
		Right	AAAAGGTGGAACAGACGAGG	56,62	50			
	SI7	Left	TTAGCCACTCTATATCTTTGCC	54,16	40,91	(CT) ₁₀	255	Dinucleotídeo
		Right	GTGAGGAAGGAAGAGGAAGA	56,09	50			
	SI8	Left	CGCTATTTTGCTACTTTGTTCG	58,02	40,91	(AT) ₁₅	274	Dinucleotídeo
		Right	ATAAATCTCCCTCCCCTAAACG	58,82	45,45			
	SI9	Left	GTAATACATTGCCCTTCAC	54,31	42,86	(TA) ₂₆	252	Dinucleotídeo
		Right	CTCGGATTAGTCATTTCAACTC	53,72	40,91			
	SI10	Left	GAAATAAGAGGTGCCAATGA	52,72	40	(TAA) ₆	271	Trinucleotódeo
		Right	CTCTACGGAGGAGGTGTATGT	53,41	52,38			
Crom 2	SI1	Left	CGTCTTTCTGTATTCTCCTCCG	58,53	50	(TA) ₂₄ e (GA) ₇	284	Composto Dinucleotídeo
		Right	GATTTTGTGTGTCCTGATGG	57,14	40,91			

Tabela 1: continuação...

SI2	Left	TCACAAACCTTTACGAACTTGC	57,58	40,91	(ACTAAA) ₃	247	Hexanucleotídeo
	Right	ACCAATAACCCAATAAGACCCA	58,12	40,91			
SI3	Left	AAGCCGAAGTCAAAGCCATAG	59,11	47,62	(CGA) ₅	204	Trinucleotídeo
	Right	ACTTGAAAGGTTGGGAACTTGA	58,24	40,91			
SI4	Left	TTCTGCTGTTTGGTCTTTTCAC	57,32	40,91	(AT) ₁₄	174	Dinucleotídeo
	Right	GTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT	54,27	50			
SI5	Left	GAAATCCGAATCACTCTTGAC	53,74	42,86	(TAT) ₁₂	286	Trinucleotídeo
	Right	ATTATTTGAGGTGGACTGGAGC	57,77	45,45			
SI6	Left	TTCCCGTAAGGATTTTCACTCA	59,18	40,91	(T ₅ A) ₃	283	Hexanucleotídeo
	Right	TCGTACCCACTAAAGTCAAGGC	58,9	50			
SI7	Left	GCTTGATCTTGAATCTGGTGGT	58,36	45,45	(CTTGGA) ₃	289	Hexanucleotídeo
	Right	GCTCGAAGCCCTTGATTTTC	57,3	52,63			
SI8	Left	CATCATCTCCATCATCATCGTC	57,35	45,45	(TTC) ₅	174	Trinucleotídeo
	Right	GAGCGGTAGTGGTAGCAGTTTC	58,63	54,55			
SI9	Left	CTACAAGCGACAAAACGCATAC	58,26	45,45	(TA) ₉	205	Dinucleotídeo
	Right	GGGAGAAGTCCCTTATCAACT	59,32	50			
SI10	Left	GTCGCATATTGAGGAGACTGAT	56,08	45,45	(TA) ₉	260	Dinucleotídeo
	Right	AAATGACGAAAATGACAGGC	55,14	40			
SI1	Left	TGACGATGTTCTCTCCTCTTT	58,09	45,45	(AT) ₁₃	161	Dinucleotídeo
	Right	CAACAACCCTTCCCTTCCA	57,89	52,63			
SI2	Left	GTAGAAGAGGAGAGGAGGCGA	57,87	57,14	(AT) ₇ e (TA) ₈	290	Composto Dinucleotídeo
	Right	CCCCAAAAGGATGTCAGAAC	56,74	50			
Crom 3 SI3	Left	TCCCTATTTCTCTGGATTTGAC	55,91	40,91	(AT) ₈	176	Dinucleotídeo
	Right	AATCTTGCTGCTATTGCTGAC	55,08	42,86			
SI4	Left	GGAGACTGTTGCTATTGACGG	57,32	52,38	(TCT) ₆	217	Trinucleotídeo
	Right	ATTGTCCTGGCTGAGAACCTT	57,92	47,62			
SI5	Left	TTAGGCTGCTCATTTTCCAAG	57,7	42,82	(CAA) ₅	287	Trinucleotídeo
	Right	CCGACTTGTGTGGGATAGAAA	57,62	47,62			

Tabela 1: continuação...

Crom 4	SI6	Left	TGTGATTGGGATTAGTGTGCTC	57,59	45,45	(TA) ₇	299	Dinucleotídeo
	Right	TGTGATTGGGATTAGTGTGCTC	57,59	45,45				
	SI7	Left	AGGTTCTGTCTGTTTGGCTTTT	57,73	40,91	(ACA) ₅	300	Trinucleotídeo
	Right	TCTCGTGTGTATCCCTCCTTT	58,16	45,45				
	SI8	Left	GCCATTCAAAGAGAGATCAGC	56,21	45,45	(CT) ₇	297	Dinucleotídeo
	Right	CTTCGTGTTGTTGTTTGTCTG	56,05	42,86				
	SI9	Left	AAGACGAGGCAAGGGGTAG	56,71	57,89	(TCTACT) ₃	286	Hexanucleotídeo
	Right	TTGTGTTTCATTTTCTCCCG	56,03	40				
	SI10	Left	TAACCTGCGATTCTTGCTCTC	57,45	47,62	(TA) ₁₉	295	Dinucleotídeo
	Right	TTCACTCATCTCCACGGTAAAA	57,53	40,91				
	SI1	Left	AGACGCACATCTACAGCCATC	57,56	52,38	(AT) ₁₇	257	Dinucleotídeo
	Right	TGTTTGTGTTTGGGTTTGA	56,89	40				
	SI2	Left	GGATGGAGGCTAAGAGGAGAA	57,77	52,38	(TAA) ₆	277	Trinucleotídeo
	Right	CCTTGTGATGCTGGTTTCTTT	57,05	42,86				
	SI3	Left	CACAACCCAGATGTCAAAT	57,22	42,86	(CTT) ₅	276	Trinucleotídeo
	Right	AGTATGAGAGACCCTGGAAAGC	57,05	50				
	SI4	Left	CCCCTTATCTCATCATCCACA	57,16	47,62	(AT) ₇	231	Dinucleotídeo
	Right	TTACCAGCAAGCGAGTCATCT	57,68	47,62				
	SI5	Left	CCCACGCAACTCATCAGAC	56,4	57,86	(AT) ₉	249	Dinucleotídeo
Right	GGAGATTCAAAGCATCAACCA	57,58	42,86					
SI6	Left	TCTCATTTTGGAGTTGGTCA	53,32	40	(AT) ₁₂	267	Dinucleotídeo	
Right	GACAAGGAATGGCGTAACA	53,9	47,37					
SI7	Left	AGGATTTGATACGAATGCGA	55,74	40	(CTT) ₅	296	Trinucleotídeo	
Right	TTTTGTTTAGGCATCAGGTAGC	57,09	40,91					
SI8	Left	ACGCACTCTATCCTCTCCCA	56,93	55	(AT) ₇	298	Dinucleotídeo	
Right	AAGACAACCTCATCGGGTAAAG	57,93	45,45					
SI9	Left	TCTCATTTTGGAGTTGGTCA	53,32	40	(AT) ₁₂	267	Dinucleotídeo	
Right	GACAAGGAATGGCGTAACA	53,9	47,37					

Tabela 1: continuação...

Crom 5	SI10	Left	CATGTCCTTTTGCTACCAGAT	54,55	42,86	(ATGTAT) ₅	200	Hexanucleotídeo
		Right	CTTTCTTCCATCTTGCTCGT	54,57	45			
	SI1	Left	GCATTAGAGAAAAGCGAAAGGC	59,01	47,62	(TTA) ₅	229	Trinucleotídeo
		Right	GAATGGACTTGACGAAACTGC	57,23	47,62			
	SI2	Left	CCAATACAGGAGCGTTACCAC	57,41	52,38	(ATT) ₅	242	Trinucleotídeo
		Right	TGGTGTAAATAGGGGTCAGCAA	58,11	47,62			
	SI3	Left	TCCCCTCCTCCTCTTTTATTG	57,83	47,62	(TTA) ₅	159	Trinucleotídeo
		Right	TGTTATTGCTTGTGTTGTGGG	56,92	42,86			
	SI4	Left	GGAGGAGGATAAGGAGTGAACA	57,56	50	(GTGTAT) ₄	265	Hexanucleotídeo
		Right	TAGCACTTCCACCACACACAA	57,04	47,62			
SI5	Left	GCACCTACCAAATAACCCCA	57,53	50	(TTTTTC) ₃	250	Hexanucleotídeo	
	Right	CCTGCCATTGTCTCTTTGTGT	57,5	47,62				
SI6	Left	CCATCTTTGAGGTCTTCCGTA	56,95	47,62	(GTGGAG) ₃	180	Hexanucleotídeo	
	Right	TGCTGCTAACTTTGGTCTGGT	57,64	47,62				
SI7	Left	ATCTGCTTTTGCTGTGTGCTT	57,78	42,86	(AT) ₁₃	199	Dinucleotídeo	
	Right	GGGTGCCTTAGAGTTAGCCTG	58,53	57,14				
SI8	Left	TTTCTTGGCATAGGATTCGG	57,91	45	(TTAA) ₅	205	Tetranucleotídeo	
	Right	CCTGTAAGTGCTTGGTGGCTA	58,16	52,38				
SI9	Left	GATTTCTCCTTGCTACTGCTAA	54,15	40,91	(TA) ₁₀	237	Dinucleotídeo	
	Right	TAATCCAACCACACCTGAAA	53,54	40				
SI10	Left	TGAGCAGCCACCTACTACATT	55,13	47,62	(TAA) ₁₀	283	Trinucleotídeo	
	Right	CATCATCATAACACCTCCCAA	55,55	42,86				
Crom 6	SI1	Left	TTGGGCATTCTATCACTTTG	53,63	40	(TA) ₁₀	224	Dinucleotídeo
		Right	AGAGGATGGGTAGATGTGAGA	53,3	47,62			
	SI2	Left	AATGGGGTTTGCAGAAGAATAG	58,83	42,86	(TA) ₁₇	263	Dinucleotídeo
		Right	CTGGACAACACGACACAATGA	57,08	47,62			
	SI3	Left	GCGTGATGACACTCTCCAAAT	58,83	42,86	(AT) ₁₃	204	Dinucleotídeo
		Right	ACAATCAAACCACTGAGCCAC	57,08	47,62			

Tabela 1: continuação...

SI4	Left	CTAAAGCAGAAAAGAAGCCCG	58,18	47,62	(AAG) ₅	254	Trinucleotídeo
	Right	ACTGTTCAATTATCCCCATCGC	59	47,62			
SI5	Left	GGTGGGGAGAAGATAGAGAGG	56,98	57,14	(ATT) ₇	286	Trinucleotídeo
	Right	GGCTTGTTTGGTGATGTATTTG	57,58	40,91			
SI6	Left	CCTCCTCAGCCCCTACTTATG	58,27	57,14	(GTT) ₆	292	Trinucleotídeo
	Right	CCCAGTAAACAACAAAGGCAA	58,13	42,86			
SI7	Left	ATGAATGTGGAAGGACTGACG	57,17	47,62	(TATGCC) ₅	267	Hexanucleotídeo
	Right	CATAGGCATAGGCACCATTTG	58,39	47,62			
SI8	Left	AGCACTACAAAGGGAACGGAT	58,16	47,62	(TGC) ₆	174	Trinucleotídeo
	Right	GGTCTCAAAGAAATGGCACAA	57,71	42,86			
SI9	Left	ATCATTCTCGTGGCATTTTCAG	57,63	42,86	(TC) ₇	280	Dinucleotídeo
	Right	GAGACACCCCACTCAAGAA	57,02	52,38			
SI10	Left	CAACCTCAGCATCCTCTTCAG	57,26	52,38	(CAT) ₅	242	Trinucleotídeo
	Right	TTCTTCATCCAGCAAAGCCTA	57,92	42,86			
SI1	Left	TGCTCCTTTGACCCTATGAAC	56,91	47,62	(AAT) ₇	200	Trinucleotídeo
	Right	TTGACCCTTTTACCGTTTCTTC	58,24	40,91			
SI2	Left	TTATTATCCTTTATCGCTCGCC	58,79	40,91	(TA) ₈	207	Dinucleotídeo
	Right	TAGGGAGGAGGGAAGAGAGAG	56,88	57,14			
SI3	Left	GGAAGGTTTCATTCATTCACGA	57,39	42,86	(AT) ₇	282	Dinucleotídeo
	Right	CCGAGGATGTTGGAAGTTAGA	56,95	47,62			
Crom 7 SI4	Left	GACATAAGAAGAAGAGAGCGTG	53,95	45,45	(AT) ₁₀	258	Dinucleotídeo
	Right	AGAAACTCGCACACCTGAA	53,35	47,37			
SI5	Left	TCATCCGAGTAAAGTGCGAAT	57,58	42,86	(TA) ₇	235	Dinucleotídeo
	Right	GGGAAAATAGGAAAAGGTGAGG	59,11	45,45			
SI6	Left	TCCTCACCTTTTCCTATTTTCC	57,34	40,91	(CT) ₇	181	Dinucleotídeo
	Right	TGTCTCATAGCCTTATCCCTCA	56,79	45,45			
SI7	Left	CTCACCTTTTCCTATTTTCCC	55,34	42,86	(ATT) ₆	179	Trinucleotídeo
	Right	TGTCTCATAGCCTTATCCCTC	53,74	47,62			

Tabela 1: continuação...

Crom 8	SI8	Left	ACTCCAAAACCTTCACCAACCC	58,13	47,62	(GTTTTT) ₃	243	Hexanucleotídeo
		Right	GCCAACAAGAAAACAAACACC	59,19	40,19			
	SI9	Left	TTCAACCCTTCTTATTACAGC	58,13	47,62	(AT) ₇	210	Dinucleotídeo
		Right	TTTCAAGGTCAAACGAGCC	59,19	40,91			
	SI10	Left	CCTTCTATTATTGGATGTGGTG	54,41	40,91	(TA) ₉	264	Dinucleotídeo
		Right	CATTTTCCTTTTGTGGGTG	53,54	42,11			
	SI1	Left	ATGAAGACGGTGATGAGGATG	57,02	47,62	(GAC) ₅	231	Trinucleotídeo
		Right	TAACAAGATACTCCGTGCCCA	58,28	47,62			
	SI2	Left	GGATGAGGATGAGGATGATGA	56,67	47,62	(TTTAG) ₅	258	Hexanucleotídeo
		Right	GCACCAAATAGCAGACCAAA	58,14	42,86			
	SI3	Left	GGACGATTGGGAGTGGAAG	57,24	57,89	(TA) ₈	296	Dinucleotídeo
		Right	TCGGAACCTCTTCTCTTTGT	58,08	47,62			
	SI4	Left	TTAGCACAACATTGGCACTCA	57,52	42,86	(AAC) ₅	200	Trinucleotídeo
		Right	TACCCTCCCCATACCCTACAC	58,02	57,14			
	SI5	Left	AAGAGACATCTGGCATTGGG	57,21	50	(TTC) ₆	275	Trinucleotídeo
		Right	AAGGAGAGGGATAGGTGGGTT	58,46	52,38			
	SI6	Left	TGGTGGTGGTGGTAATAATGG	58,06	47,62	(AAG) ₆	294	Trinucleotídeo
		Right	GCATCATCTTCACGGTCATTT	57,41	42,86			
	SI7	Left	GTGAAGGTGAAGGTGAAGGTG	56,79	52,38	(AAGATG) ₇	215	Hexanucleotídeo
		Right	CCTCTTGCTACTTGAATCCCC	58,2	52,38			
SI8	Left	TGTCATAGGGAGGCGAGAGA	57,83	55	(TA) ₂₁	208	Dinucleotídeo	
	Right	CCCTCTTCCATTCTTGCTCA	57,57	50				
SI9	Left	GGAATGAGGGGTAGTAATGTCG	58,1	50	(AT) ₉	279	Dinucleotídeo	
	Right	AACAGCAAATCCACCACAAGT	57,05	42,86				
SI10	Left	CCCCTGGAAAATGGTGATAGT	58,15	47,62	(GAA) ₅	210	Trinucleotídeo	
	Right	TCCAACCAAGAACATACCCAA	57,88	42,82				
Crom 9	SI1	Left	AGAGCCTTTGTTGGAATGGA	58,98	42,86	(ATGATA) ₃	279	Hexanucleotídeo
		Right	CCCTCTTCTTGCGTTTTCTGT	58,85	47,62			

Tabela 1: continuação...

Crom 10	SI2	Left	TTCCGCTTCTCCTTGTTGATA	57,75	42,86	(ATTACC) ₃	224	Hexanucleotídeo
		Right	GAAACAGCATAAAGTGACGGC	57,68	47,62			
	SI3	Left	GTGAATGGACTGGGGTAGACA	56,98	52,38	(CA) ₇	248	Dinucleotídeo
		Right	GTTGTTGTTGTTGTGGCTCCT	57,41	47,62			
	SI4	Left	CCTTTGTCAGCCTCCCTATTT	57,97	47,62	(TTC) ₅	275	Trinucleotídeo
		Right	GGCTTTGGGACAGAAATGAA	57,57	45			
	SI5	Left	ATCTGGTCATTTGAAGGGCTC	58,22	47,62	(TTC) ₅	252	Trinucleotídeo
		Right	TTAGCAAGCAGAAGAGCGAAG	58,14	47,62			
	SI6	Left	GCTGCTGCCTCTTTGTCATT	57,87	50	(TCT) ₅	276	Trinucleotídeo
		Right	TCCCCATAAGCATCTTCACAC	57,44	47,62			
	SI7	Left	CAACAACCCCATTTACATA	53,89	40	(TTC) ₆	270	Trinucleotídeo
		Right	TTTTCCCTCTCTCGTGTGTAG	54,59	47,62			
	SI8	Left	GTATGTTGGTGGTGGTGATGTT	57,01	45,45	(AT) ₈ e (ATACAT) ₄	274	Composto Dinucleotídeo e Hexanucleotídeo
		Right	CCTCAACTCGTTCTCATCGTC	57,03	52,38			
	SI9	Left	TTGGGAATGACGCATAGTTGT	58,07	42,86	(TCTTTT) ₃	290	Hexanucleotídeo
		Right	CTGAAGATGGGGAAAGGAGAT	57,42	47,62			
	SI10	Left	GTAACAAAGCAAAGCCCATC	58,81	40,91	(AT) ₈	288	Dinucleotídeo
		Right	TCATTTACGGTAGAGGTTTCG	57,8	47,62			
	SI1	Left	CCCACCATTACAAGTCACCAC	57,45	52,38	(TTC) ₆	218	Trinucleotídeo
		Right	TTGTTTGCTACCTTTCACGG	58,3	42,86			
SI2	Left	AGACGCTGCTGAACTATGCTA	55,7	47,62	(AT) ₇	262	Dinucleotídeo	
	Right	CAATGTAGAAATGAGGGGAGAA	56,37	40,91				
SI3	Left	CTTCCCATTTCATCCTTTTGCT	58,61	42,86	(TTC) ₅	276	Trinucleotídeo	
	Right	TATGTGTGTGGGATTTGGTT	57,53	42,86				
SI4	Left	GGTTTGTCTTTGCCTTGTA	55,34	45	(TA) ₁₀	300	Dinucleotídeo	
	Right	TCTACGATTGGTTGCTAAGTTG	55,42	40,91				
SI5	Left	CGTCGGAAACTGAATCTCTTG	57,49	47,62	(GGT) ₆	164	Trinucleotídeo	
	Right	ATGCCTGAAAAGTCCATTGTG	57,58	42,86				

Tabela 1: continuação...

Crom 11	SI6	Left	TTCTTTTCCACTCAACCCTCC	58,34	47,62	(AT) ₁₁	280	Dinucleotídeo
		Right	CCCCTACAGGTAAACCCCAT	58,15	52,38			
	SI7	Left	ATTAGCCTTGGAAGAAGTGGG	57,97	47,62	(TAT) ₇	237	Trinucleotídeo
		Right	TGATGGTACAGGTGGTCAAAGA	57,81	45,45			
	SI8	Left	GGAGTTTCTTCTTGGCTGATG	56,59	47,62	(GT) ₇	201	Dinucleotídeo
		Right	TTTGTTTCTCTCCTTTGTGCC	57,18	42,86			
	SI9	Left	CGGCTGCTGTTACTATGTTCTT	57,05	45,45	(ATT) ₇	298	Trinucleotídeo
		Right	CGATTTCTGATTCGGCTTTA	55,92	40			
	SI10	Left	CACAACCGCAACACAACAAT	57,33	45	(AG) ₉	210	Dinucleotídeo
		Right	CCCCTCCCTTCATTATTTAC	57,92	47,62			
	SI1	Left	ATTATGCGGGTTTGGACGA	58,66	47,37	(TA) ₇	223	Dinucleotídeo
		Right	CAGAGTGGGTTTAGGGAGGAA	58,42	52,38			
	SI2	Left	CTCCTCCACCCTCACCTGTA	56,96	60	(CAC) ₅	269	Trinucleotídeo
		Right	TTTTGGATGCTCGTATGATGG	58,59	42,86			
	SI3	Left	ATCATACGAGCATCCACAACC	57,27	47,62	(CAC) ₅	214	Trinucleotídeo
		Right	GTAAGTGGGAGGAGGAGGAGA	57,33	57,14			
	SI4	Left	TCTCCTCCTCCTCCCCTTAC	57,33	57,14	(CCA) ₅	170	Trinucleotídeo
		Right	TATGGAATGACTGGTGGTGGT	57,3	47,62			
SI5	Left	TGAGGCTAAGGATGGATGAGA	57,21	47,62	(ATT) ₁₁	208	Trinucleotídeo	
	Right	CCATTTATTGTGTGTGCGTGT	56,74	42,86				
SI6	Left	GCAAGGGAGTTGAGGGTCTAT	57,56	52,38	(GTT) ₆	259	Trinucleotídeo	
	Right	CACATAAGACGCATAAGGGGA	57,92	47,62				
SI7	Left	ATCCACAGCACACTCAACA	56,53	47,62	(ACA) ₅	254	Trinucleotídeo	
	Right	TCTGTCTCGTCTTCTTCACTGG	56,9	50				
SI8	Left	AAAACAGGTGGGTCCAAAAC	57,9	42,86	(TC) ₈	163	Dinucleotídeo	
	Right	GATAAAATAAAAGGCGTCGGAG	58,33	40,91				
SI9	Left	TATCACCAACAAAACGAAGGC	57,97	42,86	(ACC) ₅	271	Trinucleotídeo	
	Right	CCGAATCTACAAAGAGGAGCA	57,31	47,62				

Tabela 1: continuação...

Crom 12	SI10	Left	CTTGTGGGATTTCACTGGGTA	57,44	47,62	(GTT)5	237	Trinucleotídeo
		Right	TTGTATGAGTTCCAAGAGGCTG	57,27	45,45			
	SI1	Left	CCTCCATCAACAAAGGAAAGA	56,9	42,86	(TAA)5	193	Trinucleotídeo
		Right	GCTCAAGCAAACCAAGATTAG	56,8	40,91			
	SI2	Left	CTGCTACTGAAACGAAACCCA	58,11	47,62	(AT)22	166	Dinucleotídeo
		Right	CATCACACTCAGACCCCACTC	57,1	57,14			
	SI3	Left	TTATCGCAACGGAATCTGAA	56,78	40	(AT)11	194	Dinucleotídeo
		Right	TGACAAATGAACCAGAACCCT	56,9	42,86			
	SI4	Left	CCAAAAGGCATTCAAAGACAG	57,7	42,86	(GA)8	263	Dinucleotídeo
		Right	TCAAATGGAAGTGTGGGTAAGA	57,35	40,91			
	SI5	Left	ACACCATCGCAATACACAC	51,25	47,37	(TA)8	300	Dinucleotídeo
		Right	ACTGGAGGTTGGTTTTGTTT	53,74	40			
	SI6	Left	AACCAACGCTTCACAAATCAC	57,68	42,86	(ACAGTG)3	263	Hexanucleotídeo
		Right	GAGGTGGAGATACGGTGTGTA	57,17	52,38			
	SI7	Left	TACGCAATGGAGAAGAAAAGG	57,53	42,86	(TTTA)5	262	Tetranucleotídeo
		Right	TATTGGTGAAAGTCCGAAAGC	57,32	42,86			
	SI8	Left	ATCTCATCATTTTGTGAGCC	52,05	40	(AAAATA)3	266	Hexanucleotídeo
		Right	TTCTACCTCCGTCGTTGAT	52,49	47,37			
	SI9	Left	GTATCCTTCAATGCTTTCCCA	57,01	42,86	(AAC)5	159	Trinucleotídeo
		Right	GCATACACACTACCCTTCCCA	57,45	52,38			
SI10	Left	CTGATTGCCCTCATTATTGGA	57,74	42,86	(TAT)5	177	Trinucleotídeo	
	Right	CTCTTCTGTCTCACCTGCCAT	56,56	52,38				