

# DESCRIÇÃO DE GENES FLANQUEADOS POR MICROSSÁTELITES NA CULTURA DO CAJUZINHO-DO-CERRADO (*Anacardium humile* St. HILL.)

Data de aceite: 02/10/2023

**Bárbara Vitória Gomes de Brito**

Universidade Estadual do Piauí  
Uruçuí- Piauí (Brasil)  
<https://orcid.org/0009-0005-2148-175X>

**Leonardo França da Silva**

Universidade de Federal Viçosa  
Viçosa – Minas Gerais (Brasil)  
<https://orcid.org/0000-0002-9710-8100>

**Victor Crespo de Oliveira**

Universidade de Federal Viçosa  
Viçosa – Minas Gerais (Brasil)  
<https://orcid.org/0000-0003-2719-9972>

**Anarlete Ursulino Alves**

Universidade Estadual do Piauí  
Uruçuí- Piauí (Brasil)  
<https://orcid.org/0000-0003-1208-5841>

**Fabrcio Custódio de Moura Gonçalves**

Universidade Estadual do Piauí  
Uruçuí- Piauí (Brasil)  
<https://orcid.org/0000-0003-4319-635X>

**Francisco de Assis Gomes Junior**

Universidade Estadual do Piauí  
Uruçuí- Piauí (Brasil)  
<https://orcid.org/0000-0002-0854-821X>

**Ariadna Faria Vieira**

Universidade Estadual do Piauí  
Uruçuí- Piauí (Brasil)  
<https://orcid.org/0000-0002-1185-4269>

**RESUMO:** Com alta variabilidade e sendo nativo do cerrado brasileiro, o cajuzinho-do-cerrado (*Anacardium humile* St. Hill.) possui uma alta aceitabilidade pelas comunidades locais, em virtude dos frutos serem atraentes e com características peculiares, como sabor único, potencial no uso na indústria frutífera e uso sustentável por produtores. Assim, o uso da biotecnologia pode ser de grande valia, uma vez que, para este gênero há poucas informações. Em particular, o estudo e descrição de genes da cultura é fundamental para que se possa fazer estratégias para a conservação e melhoramento da espécie. O objetivo deste trabalho foi identificar e descrever genes flanqueados por oito marcadores microssatélites na cultura do cajuzinho-do-cerrado (*Anacardium humile* St. Hill.), utilizando o genoma de *Anacardium occidentale* (cajeeiro comum) do banco de dados Phytozome. Os resultados revelam que todos os marcadores flanquearam ou estavam próximo de genes, sendo possível identificar as informações de sequência genômica (SG), sequência do transcrito (ST), sequência CDS ou *Coding DNA Sequencing* (SCDS) e sequência do peptídeo (SP). Além disso, foram obtidas todas as anotações funcionais, exceto para

o gene Anaoc.0935s0002 flanqueado pelo marcador mAoR6. Ainda, pode-se destacar a função associada do gene Anaoc.0015s0338 relacionada ao domínio de proteína quinase, pois desempenha papel importante na expressão de respostas aos estresses ambientais, como frio ou seca. A utilização do banco de dados genômicos do Phytozome é eficiente no flanqueamento dos genes de *Anacardium humile* St. Hill. Todos os marcadores. Os oito marcadores microssatélites utilizados flanquearam ou estão próximo a genes, onde apenas o marcador mAoR6 não apresentou anotação associadas. Dessa forma os resultados são promissores quando relacionados as novas perspectivas para melhoramento em cajuzinho-do-cerrado.

**PALAVRAS-CHAVES:** cajuzinho do cerrado, microssatélites, marcadores moleculares.

**ABSTRACT:** With high variability and being native to the Brazilian cerrado, the cajuzinho-do-cerrado (*Anacardium humile* St. Hill.) has a high acceptability by local communities, because the fruits are attractive and have peculiar characteristics, such as unique flavor, potential use in the fruit industry and sustainable use by producers. Thus, the use of biotechnology can be of great value, since for this genus there is little information. In particular, the study and description of the culture's genes is fundamental to make strategies for the conservation and improvement of the species. The objective of this work was to identify and describe genes flanked by eight microsatellite markers in the cajuzinho-do-cerrado (*Anacardium humile* St. Hill.) crop, using the genome of *Anacardium occidentale* (common cashew tree) from the Phytozome database. The results prove that all markers flanked or were close to genes, making it possible to identify the genomic sequence information (SG), transcript sequence (ST), CDS sequence or Coding DNA Sequencing (SCDS) and peptide sequence (SP). In addition, all annotations except for the Anaoc.0935s0002 gene flanked by the mAoR6 marker were started. Furthermore, the associated function of the Anaoc.0015s0338 gene related to the protein kinase domain can be highlighted, as it played an important role in the expression of responses to environmental stresses, such as cold or drought. The use of the Phytozome genomic database is efficient in flanking the genes of *Anacardium humile* St. Hill. All bookmarks. The eight microsatellite markers used flanked or are close to genes, where only the mAoR6 marker did not show associated annotation. Thus, the results are promising when related to new perspectives for improvement in cajuzinho-do-cerrado.

**KEYWORDS:** cajuzinho do cerrado, microsatellites, molecular markers

## 1 | INTRODUÇÃO

A espécie *Anacardium humile* St. Hill, popularmente conhecida como cajuí ou cajuzinho-do-cerrado, é nativa do cerrado brasileiro, podendo ser encontrada em vários estados, como Bahia, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, São Paulo, Distrito Federal e Goiás (SANO *et al.*, 2010).

É considerada um subarbusto e pode atingir até 150cm de altura, com caule que consegue armazenar água fazendo com que a planta resista a longos períodos de seca (ALMEIDA *et al.*, 1998). Em comparação ao cajueiro comum, o cajuzinho-do-cerrado não possui tanta variabilidade, uma vez que, as ações humanas e o fogo reduzem o número de

plantas, o que pode ocasionar o risco de extinção da espécie (CEMIG, 2001).

O cajuzinho-do-cerrado possui reduzida produção de frutos e sementes mesmo durante sua inflorescência e com alto número de flores. Alguma de suas flores hermafroditas não tem a capacidade de transformarem-se em frutos, com proporção estimada de 4:1 entre flores hermafroditas e femininas (FERRÃO, 1995).

A variabilidade morfológica da *A. humile* é vasta e diversos estudos têm sido desenvolvidos com o objetivo de buscar ambientes com divergências de grande magnitude para aumentar a variabilidade genética da espécie. Esses fatores podem gerar subsídios para possibilitar a execução de estudos sobre seu potencial comercial e uso em programas de melhoramento. Sabe-se que o cultivo da espécie não é feito em larga escala por vários fatores, sobretudo, relacionados a falta de conhecimento sobre a variabilidade genética da espécie, desenvolvimento e das técnicas de cultivo (SILVA *et al.*, 1997).

A literatura apresenta inúmeros trabalhos relacionados ao gênero *Anacardium*, porém, muito pouco sobre cajuzinho-do-cerrado (*A. humile* St. Hill). Essa carência de estudos sobre o mesmo revela a urgência e a necessidade de informações com o intuito de preservação e formas de uso da espécie (CARVALHO *et al.*, 2005). Nesse primeiro momento, a utilização de marcadores moleculares no estudo de genes para a espécie é de suma importância para auxiliar os trabalhos de melhoramento genético da espécie.

Os marcadores moleculares estão associados a qualquer fenótipo molecular, os quais são resultados de um gene expresso ou segmento genômico em nível de DNA (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998). Assim, os marcadores são ferramentas que auxiliam nos estudos de populações, identificação de genes de interesse a caracteres quantitativos e qualitativos e estimativos de diversidade genética (REGITANO, 2001; BUSO *et al.*, 2003).

Os microssatélites ou SSR (*Simple Sequence Repeats*) são caracterizado por codominância, multialélicos, alto nível de polimorfismo e alta frequência no genoma (RAI *et al.*, 2013). Possuem sequências que variam de 1 a 6 nucleotídeos repetidos em *tandem* e são muito utilizados na área de biotecnologia para auxiliarem os programas clássicos de melhoramento genético (BUSO *et al.*, 2016). Alguns microssatélites foram obtidos para cajueiro comum, mas somente alguns que foram polimórficos para *Anacardium occidentale* foram testados para cajuzinho do cerrado (SOUZA, 2014). Dessa maneira, identificar no genoma regiões que estão atreladas a características agrônômicas favoráveis à cultura se faz necessário para orientar os programas de melhoramento, principalmente relacionados à conservação da espécie.

Neste contexto, a finalidade do trabalho foi identificar e descrever os genes flanqueados, por oito marcadores microssatélites (SSR) da cultura do cajuzinho-do-cerrado, no genoma de *Anacardium occidentale*. Além disso, esse estudo será importante para mostrar a importância do melhoramento genético de culturas do cerrado, com o objetivo de garantir conhecimentos prévios para a manutenção e conservação genética da cultura, integrando o conhecimento teórico e prático da genética, melhoramento e biotecnologia.

## 2 | MATERIAL E MÉTODOS

### 2.1 Local de execução do projeto

As análises foram realizadas, utilizando o banco de dados genômicos do Phytozome disponível no *website* <<https://phytozome-next.jgi.doe.gov>>.

### 2.2 Marcadores microssatélites e análises *in silico*

Inicialmente, foram analisados 8 marcadores microssatélites já caracterizados na literatura para o cajuzinho-do-cerrado (*Anacardium humille* St. Hill) (Tabela 1).

Duas etapas principais foram realizadas para as análises *in silico*: 1) A primeira etapa consistiu no flanqueamento dos marcadores moleculares no genoma do cajueiro comum (*Anacardium occidentale* L.). Isso foi necessário, pois não tem o genoma descrito para cajuzinho-do-cerrado, ou seja, utilizando a espécie mais próxima para relacionar os possíveis genes identificados e suas funções. Esse processo é devido à similaridade genética entre o cajueiro comum e o cajuzinho-do-cerrado; 2) A segunda etapa consistiu na descrição dos genes flanqueados pelos marcadores, ou seja, as principais informações sobre os genes.

Marcador	Sequência (5' – 3')	Repetição
mAoR2	F: CAGAACCGTCACTCCACTCC R: GGAAGGGCATTATGGGTAAG	(CA) <sub>10</sub> (TA) <sub>6</sub>
mAoR3	F: CAGAACCGTCACTCCACTCC R: ATCCAGACGAAGAAGCGATG	(AC) <sub>12</sub> (AAAAT) <sub>2</sub>
mAoR6	F: CAAAACCTAGCCGGAATCTAGC R: CCCCATCAAACCCTTATGAC	(AT) <sub>5</sub> (GT) <sub>12</sub>
mAoR11	F: ATCCAACAGCCACAATCCTC R: CTTACAGCCCCAAACTCTCG	(AT) <sub>3</sub> (AC) <sub>16</sub>
mAoR12	F: TCACCAAGATTGTGCTCCTG R: AAACCTACGTCCGGTCACACA	(AC) <sub>12</sub> ARAC(AT) <sub>4</sub>
mAoR16	F: GGAGAAAGCAGTGGAGTTGC R: CAAGTGAGTCTCTCACTCTCA	(GT) <sub>8</sub> (TA) <sub>17</sub> (GT) <sub>3</sub>
mAoR17	F: GCAATGTGCAGACATGGTTC R: GGTTCGTCATGGAAGAAGAG	(GA) <sub>24</sub>
mAoR29	F: GGAGAAGAAAAGTTAGGTTTGAC R: CGTCTTCTCCACATGCTTC	(TG) <sub>10</sub>

Tabela 1. Microssatélites caracterizados para cajuzinho-do-cerrado.

Fonte: Soares *et al.* (2013)

A sequência dos marcadores (*forward* (F) e *reverse* (R)) foram inseridas no banco de dados para o BLAST. Para tal, cada sequência foi renomeada com um cabeçalho a ser identificado no JBrowser do genoma da cultura.

O genoma utilizado como base foi o da espécie de cajueiro comum (*Anacardium*

*occidentale* v0.9). Cada microssatélite flanqueou uma região do genoma, possibilitando a identificação de genes estudados na presente pesquisa. Todos os genes identificados foram descritos de acordo com as suas seqüências CDS (*Coding DNA Sequence*), seqüência do gene, do transcrito e seqüência do peptídeo.

### 3 | RESULTADOS E DISCUSSÃO

Todos os marcadores microssatélites, desenvolvidos para a cultura do cajuzinho-do-cerrado foram flanqueados no genoma do cajueiro comum (Tabela 2), evidenciando a sintenia genômica entre as espécies. Os genes foram descritos, com base na SG: Seqüência genômica; ST: Seqüência do Transcrito; SCDS: Seqüência CDS; SP: Seqüência do Peptídeo; FG: Função do gene.

Marcador	Gene	Transcrito
mAoR2	Anaac.0003s0046	Anaac.0003s0046.1
mAoR3	Anaac.0003s0046	Anaac.0003s0046.1
mAoR6	Anaac.0935s0002	Anaac.0935s0002.1
mAoR11	Anaac.0016s0799	Anaac.0016s0799.1
mAoR12	Anaac.0666s0006	Anaac.0666s0006.1
mAoR16	Anaac.0658s0005	Anaac.0658s0005.1
mAoR17	Anaac.0011s0412	Anaac.0011s0412.1
mAoR29	Anaac.0015s0338	Anaac.0015s0338.1

Tabela 2. Ordem de marcadores, genes e transcritos.

Os marcadores mAoR2 e mAOR3 flanquearam o gene *Anaac.0003s0046*, localizado no *scaffold 3* no genoma *Anacardium occidentale* (Figura 4) com seqüência genômica (SG) de tamanho de 673 pb (pares de bases), seqüência do transcrito (ST) com 585 pb, seqüência codificante (SCDS) com 396 pb e seqüência do peptídeo (SP) com 132 pb (Tabela 3). Como não possui função associada para o gene, a função mais aproximada foi encontrada para associação F-box (*FBA\_1*).

SG	GGTTATCCAAGTCCATGGCTGTGGCATAACAATTACTCTAATGTTTTGTCTGCAAA- CAATCAATTTTATTGTGTCTTCAAGAAAAATCCAGACGAAGAAG CGATGTTTGAGATGTAACACTCTGTATCTTGACAAAGATAATCCCCACTTGCTTGC- TCCTTCCACGGCCACACCCTGGTATTTTTATTTTTGTGTGTGTG TGTGTGTGTGTATTTCATTTIATCGTCTCAGAAGGCTTTGTGATATCATTTTTTTTTT- TGAAGGAGAGAAAGGGTTGTTTTCATTTGCTCCGCCGCATCAAG GGATTGACGGGAGTGGAGTGACGGTTCTGGGGTGATCGTGACAAGTGGAAACGA- GAAGGGAATAGGCCAAATACCGGAAGACCAATTGGAAGAAAA GATGGAGCTGTTGTGCTGAGTATAGGGAAAATGCTCCGCCTTGTCGAAAAGGGTGG- CATGTTTCTTATGATGATGGTTTTACGTTGTTTTAATTTGGAATCAA GAGCAACATAATTGCTTGTCTGATTTGTTTTACGAGTTCCGAAAGATCTGATCTT- GATCATTAGGTGTGTTTTTATTATGGCTTCTATAAGTTTGTTCCTTTC TTGTAGATTTCTTGAATCAATGGTGACTAGTTGTGACGTCTAATAATTTTTATATAG
ST	GGTTATCCAAGTCCATGGCTGTGGCATAACAATTACTCTAATGTTTTGTCTGCAAA- CAATCAATTTTATTGTGTCTTCAAGAAAAATCCAGACGAAGAAGCG ATGTTTGAGATGTAACACTCTGTATCTTGACAAAGATAATCCCCACTTGCTTGTCTCC- TTCCACGGCCACACCCTGGAGAGAAAGGGTTGTTTTCATTTGCTC CGCCGCATCAAGGGATTGACGGGGAGTGGAGTGACGGTTCTGGGGTGATCGTGTA- CAAGTGGAACGAGAAGGGAATAGGCCAAATACCGGAAGACCAATT GGAAGAAAAGATGGAGCTGTTGTGCTGAGTATAGGGAAAATGCTCCGCCTTGTC- GAAAAGGGTGGCATGTTTCTTATGATGATGGTTTTACGTTGTTTTAATTTG GAATCAAGAGCAACATAATTGCTTGTCTGATTTGTTTTACGAGTTCCGAAAGATCT- GATCTTGATCATTAGGTGTGTTTTTATTATGGCTTCTATAAGTTTGT CCTTCTTGATGATTTCTTGAATCAATGGTGACTAGTTGTGACGTCTAATAATTTTT- TATATAG
SCDS	ATGGCTGTGGCATAACAATTACTCTAATGTTTTGTCTGCAAAACAATCAATTTTATTG- TGTCTTCAAGAAAAATCCAGACGAAGAAGCGATGTTTGAGATGTAAC ACTCTGTATCTTGACAAAGATAATCCCCACTTGCTTGTCTCCTTCCACGGCCACAC- CACTGGAGAGAAAGGGTTGTTTTCATTTGCTCCGCCGCATCAAGGGATTG ACGGGGAGTGGAGTGACGGTTCTGGGGTGATCGTGACAAGTGGAACGAGAAGG- GAAATAGGCCAAATACCGGAAGACCAATTGGAAGAAAAGATGGAGCTG TTGTGCTGAGTATAGGGAAAATGCTCCGCCTTGTCGAAAAGGGTGGCATGTTTCTAT- GATGATGGTTTTACGTTGTTTTAA
SP	MAVAYNYSNVFVCKQSNFVSSRKIQTKKRCLRCNTLYLDKDNSPLACSFHGHTTGEK- GLFSFAPPHQIGIDGEWSDGSGVIVYKWNNEKGNRPNTGRANWKKRWSCCAE YRENAPPCRKGWHVSYDDGFTLF*
Função	F-box associated (FBA_1)

SG: Sequência genômica; ST: Sequência do Transcrito; SCDS: Sequência CDS; SP: Sequência do Peptídeo; FG: Função do gene.

Tabela 3. Descrição dos dados do gene Anac.0003s0046, flanqueado pelos marcadores mAoR2 e mAoR3.

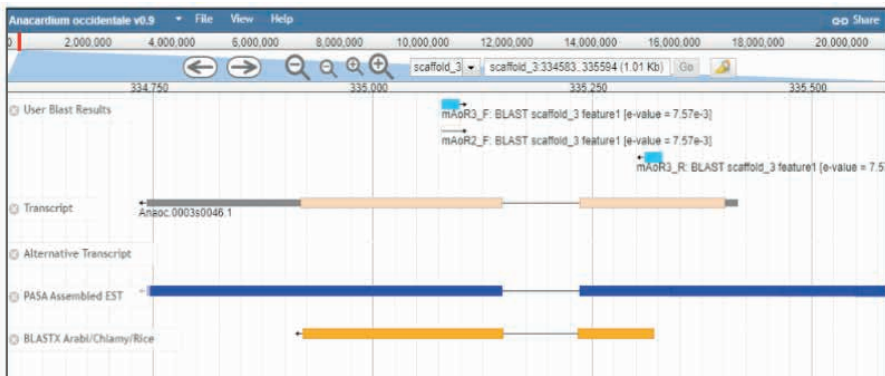


Figura 4 - Flanqueamento dos marcadores SSR mAoR2 e mAoR3 no banco de dados genômicos.

Fonte: Autora (2023).

Proteínas F-box apresentam uma estrutura bipartida, sendo assim elas possuem um domínio carboxi-terminal que atua com substratos. Dessa forma, proteínas F-box em subconjunto é caracterizada por aproximadamente 180 resíduos em uma região carboxi-terminal (FBA). Essas proteínas denominadas F-box possuem domínio conservado com em média 40-50 aminoácidos que fazem interação proteína-proteína que assim é denominada domínio F-box (TAIZ *et al.*, 2006). Nas plantas grandes parte de genes relacionados a F-box atua na regulação de diversos processos biológicos, como na formação de raízes laterais, formação de meristemas, resposta ao estresse, senescência e fotomorfogênese (AN *et al.*, 2019).

Estudos de Mukesh *et al.* (2007), com a cultura do arroz, evidenciaram que genes codificadoras da proteína F-Box estavam relacionadas com a transcrição floral, bem como o desenvolvimento da panícula e da semente. Além disso, mais ou menos 43 genes que codificam as proteínas F-box foram diferencialmente expressos em mudas de arroz quando submetidas a condições de estresses abióticos.

O marcador mAoR6 flanqueou o gene Anaoc.0935s0002, localizado no *conting* 935 no genoma *Anacardium occidentale* (Figura 5), sendo a sua sequência genômica com tamanho de 684 pb (pares de bases) (Tabela 4), sequência do transcrito com 684 pb, sequência codificante (CDS) com 204 pb e sequência do peptídeo com 68 pb. Para este gene com essas características, a função ainda não foi descrita, evidenciando que a cultura ainda tem muito a ser explorada por estudos genômicos.

SG	AGTTACTTTAGCCATGAGCGATGGAATAATGGGTAGTTCTAGTGCTAGTACTT- CAAAGCTGCATCAAGGTTCAAATCGAATGGAGAATAGTTTTACAAGAGATTTCC- TCGGCATGAGTAATGATCAATCTGGCCGTCCATTTTTCTCACAAGAGCTAGC- CAAAC TTGCTACAATGGT TCCCCCATGGGTTTGAGCCAATCCCAGCAACCACT- GAAGTCAATTCATATCGAACCATATGTTATTTTCACAAAATTGCAGCTAGCTCAT- GTAAAAATGTCTTGAAC TTGAGGCGCTAGCACTCTATAGAGCAACTTTTGAATGA- TGAGTGGTGCTTGAAGTTCGAGGCCAGTGGTGCATATTTGAAGTGACAAAGCA ATGAACGAACTCCAAGTCATGCATGTTATCGTTGTTGATTCTGTTGTTCTTTTTCTTCTGCTCCAC- TCTTTTATCCITTTTTTTTTTTTTTTTTTAATATATTGAACAGCTATCACAGAAAACACGTGTATATATATA- TATATATTAGACATAGTTGACTGCGCGTCAAAGTTACGCACCATCTTGTCAACGTTGGTGGCTTAA CGAGAAAATTCTAGGTCACTGTTTGTCTATCCTAAAAAATTGTTAACCCTAAACCAAC- TAAAACCACTAATTTTTTCCCATATTTTATGACACAATTAAGGC
ST	AGTTACTTTAGCCATGAGCGATGGAATAATGGGTAGTTCTAGTGCTAGTACTT- CAAAGCTGCATCAAGGTTCAAATCGAATGGAGAATAGTTTTACAAGAGATTTCC- TCGGCATGAGTAATGATCAATCTGGCCGTCCATTTTTCTCACAAGAGCTAGC- CAAAC TTGCTACAATGGT TCCCCCATGGGTTTGAGCCAATCCCAGCAACCACT- GAAGTCAATTCATATCGAACCATATGTTATTTTCACAAAATTGCAGCTAGCTCAT- GTAAAAATGTCTTGAAC TTGAGGCGCTAGCACTCTATAGAGCAACTTTTGAATGA- TGAGTGGTGCTTGAAGTTCGAGGCCAGTGGTGCATATTTGAAGTGACAAAGCA ATGAACGAACTCCAAGTCATGCATGTTATCGTTGTTGATTCTGTTGTTCTTTTTCTTCTGCTCCAC- TCTTTTATCCITTTTTTTTTTTTTTTTTTAATATATTGAACAGCTATCACAGAAAACACGTGTATATATATA- TATATATTAGACATAGTTGACTGCGCGTCAAAGTTACGCACCATCTTGTCAACGTTGGTGGCTTAA CGAGAAAATTCTAGGTCACTGTTTGTCTATCCTAAAAAATTGTTAACCCTAAACCAAC- TAAAACCACTAATTTTTTCCCATATTTTATGACACAATTAAGGC
SCDS	ATGAACGAACTCCAAGTCATGCATGTTATCGTTGTTGATTCTGTTGTTCTTTTTCTTCTG- TCTCCACTCTTTTATCCITTTTTTTTTTTTTTTTTTAATATATTGAACAGCTATCACAGAAAAC- TACGTGTATATATATATATATATTAGACATAGTTGACTGCGCGTCAAAGTTACGCACCCT- TGTTCAA

SP	MNELQVMHVIVVDSVVLFLLSPLFYPPFFFFFNILNSYHRKLRVIYIYILDIVDCASKLRTLSTL-VA*
Função	Sem descrição

SG: Sequência genômica; ST: Sequência do Transcrito; SCDS: Sequência CDS; SP: Sequência do Peptídeo; FG: Função do gene.

Tabela 4. Descrição dos dados do gene Anaoc.0935s0002, flanqueado pelo marcador mAoR6.

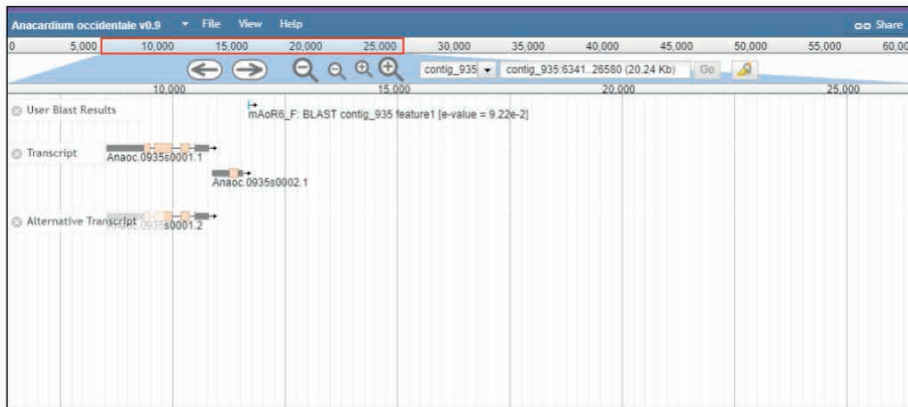


Figura 5 - Flanqueamento do marcador SSR mAoR6 no banco de dados genômicos.

Fonte: Autora (2023).

O marcador mAoR11 flanqueou o gene Anaoc.0016s0799, localizado na *scaffold* 16 no genoma *Anacardium occidentale* (Figura 6) este gene sendo a sua sequência genômica com tamanho de 4705 pb (pares de bases) (Tabela 5), sequência do transcrito com 2304 pb, sequência codificante (CDS) com 2304 pb e sequência do peptídeo com 768 pb. Este gene possui função associada inibidor de proteinase. Os inibidores de proteínas vegetais possuem capacidade de interação específica com variados tipos de enzimas proteolíticas, assim as mesmas podem inibir competição, além de reduzir a digestibilidade protéica.



Figura 6- Flanqueamento do marcador SSR mAoR11 no banco de dados genômicos.

Fonte: Autora (2023).





ST	<p>ATGGCTTCCTCCTTCTCGGACTCCTCTCTCTTCTCTTCTCCTCCTTGCCCTTCTGCCGCTGCTGCTTCATCAAATCAAAT-  TCCCAGCCTTATGTTGTTTATATGGGGAGTTCATCGAGTAATGAAAAAATGGAGATGTTACAGAGTTGGCTCACTTG-  CAACTATTATCTCCATTATCCCAAGCAATGAAGAGAGTGAAGAGTATCCTTAATCCACCATTACAGCCATTCTTCA-  AGGGCTTCTCGCACTGTCACAGGAAAGAGCGTCTCTATTACGCGAGTTGAAAGGGTGTCCGATGGGTTCC-  TGATAGGGTTCTTCAACTTCATACAACACGTTTCATGGGATTTCTAGAGGAAGCGGCAGCTCAGCCAAGAATCAGCA-  TCTGGGCCAACTCCAGATATCATAAAGCGCTCTTCTGATGTCATAGTAGCTGTTATTGACACAGGCATATGGCCTGAA-  TCTGAGAGTTTCAAGGATCAAGGACTGGGAGAAATCCCTGCAAGATGAAAGGTTGTTGCATGGAATCACCTGACTT-  CAAGAAATCAATTGTGATGAAAACAGTCATCTGATTCTATTGAATCGGAGTTGGCGTGTACGATGGGAGGTCGC-  TAATTTGGTGGAAAGCTTATAGGAGCAAGATACTATAAAACACTGTACACCTCCAACAGGACTGCTGGTTCTCCAAGG-  GACTTTCTCGGCCATGGAACATACAGCCTCCATTGCAGCTGGCGCTCGCGTCCGAATGCAAGCTACTTTGGCTT-  GGCAGGAGGACTGCACAATCGGGATGCTCGGGTGAACCATTTTGAAGCAATTGATGATGCAGTGGAAAGATGGA-  GTTGACATCAITTCATCCATTGGAATGAGTTCACTGTTTCAAACGATTACTTGGAGTACCCTTGCATTGCTATTGGA-  GCTTTTCATGCTGAGCAAATGGAGTTATGGTTGTTTTCAGCTGGAAATGATGGACCTGACCCTTCAACTGTTGT-  CAACACAGCTCCATGTTGCTCACTGTTGCAGCTTCTAGCATTGACAGAGATTTGAACTAGATTGTTCTTGGAAA-  TGGAAAACTTCAAGGATGCTGCCATTAGTTTGTCAAATCTTACTCACAAAAGACTTATCCCTTGCATTTGGAAAG-  GATATTGCTGCTACTTTACCCTGAACTGAAAGTGAAGCAAGGGATTGCCGTCCAGGTCATTGCAAGAAAAGTAGAA-  GGCAAGGTCATTGTGTCCTTGACAATGATCCAAGCATTCCAAGGAGAATAAAAAAATTAGTGGCAGAAGATGCTAA-  AGCCAAAGGCTCAATTTTTGTAATGAGGATGAGAAAAGGTGTGCCCTTTTGATTACAGGCATATCCCATATGCACAAGT-  TGGCAACTCAGACGGGCATCAAATCATCAACTCAAGTATAGATGGGCCACCCCAAAAATCAGAGGGTCACTATTTA-  TGAATCCAAACAGCCACAATCCTTCAACAGTTGATGTTCCAAAGTACAAGCCAGCAGCCAGTTGTTCATATTGCA-  CAAGAGGTCAGGAGCCTTACAGAAAACATTCTCAAGGTTGTATACATACATATATACATATACACTTACATGCATA-  TACCAGGCGTTGCAATTTTAGTGCATTTGTTCCGAAAGAAGGGACTGCTCCGAATGGTAAAGATGCCAGCAAATAT-  GGTTTAAAGATCTGGAACATCCATGGCTTGCCACATGTCAGTGGAGCTGCAGCCTTCAATTAATCTTTGCGTCCGAT-  TGGACTTCTCCATGATCAAATCAGCTCTTATGACAACAGGTAACATTTTTGAGCCCTCAAAAGCTTTAGCTTAC-  GGATTAGTATTGAAACAACAACAAAAGATTACCTTAGATTCTTTGCTTCTACGGTTACTCCAACAAAATTATCAAAT-  CAATGGCAACACCAACTTTAACTGCCAAAAAACTCCATTGACAAGCTCATCTCCAATATAAAATACCCTTCAATCTC-  CATAAACAAAGCTTAGTGGGACAAAAGCTTTAGAACCAGAGAAGCAAGTGCACAAACGTTGGCTGCACAAATGCCAC-  TACACTGCAAGCGTCAACCTCCGTCAGGATTGGTGGTTAATGTATATCCGAAGAAGATTAGTTTTGGTGAGGGTGTA-  AAGAGGGCTTCTTCAAAGTTTCATTACGACAGCAAGGAGGCTAGCAGTGGGTACAATTTTGGTTCAATAACATGGT-  GGATGGTGCAGCAATTTCTGTTGTTGTTGTTGCAGTAAATGTTGAATAA</p>
SCDS	<p>ATGGCTTCCTCCTTCTCGGACTCCTCTCTCTTCTTCTCCTCCTTGCCCTTCTGCCGCTGCTGCTTCATCA-  AATCAAATCCCAG CCTTATGTTGTTTATATGGGGAGTTCATCGAGTAATGAAAAAATGGAGATGTTACA-  GAGTTGGCTCACTTGCAACTATTATCTCCATTATCCAAAG CAATGAAGAGAGTGAAGAGTATGCTTAAATC-  CACCATTACAGCCATTTCTTCAAGGGCTTCTCTGCAATGCTCACAGAGAAAAGAAGCGTCTCTATTATCGG  AGGTTGAAGGGGTAGTGTCCGTTGTTCCCTGATAGGGTTCTTCAACTTCATACAACACGTTTCATGGGATTTCTTAGAGGAAGCG-  GCAGCTCAGCCAAGAATCAGCATCTGGGCCAACTCCAGATATCATAAGCGCTCTTCTGATGTCATAGTAGCTGTTATTGACACAG  GCATATGGCTGAAATCAGAGTTTCAAGGATCAAGGACTGGGAGAATCCCTGCAAGATGGAAAGTTTTCATGGAATCAC-  TGACTTCAAGAAATCCAATTGTGATGAAAACAGTCATCTGATTCTATTGAAGTCGGATCTGGCTGTCACAGTGGGAGGTGGCTA-  ATTTGGTGGAAAGCTTATAGGAGCAAGATACTATAAAACACTGTACACCTCCAACAGGACTGCTGGTTCTCCAAGGGACTTTCTCG-  GCCATGGAACATCAGACGCTCCATTGCAAGCTGGCGCTCGCGTCCGAATGCAAGCTACTTTGGCTTGGCAGGAGGCACTGCAC  AATCGGATGCTCGGGTGAACCAATTTTGAAGCAATTGATGATGCAGTGAAGATGGAGTTGACATCTTCAATC-  TCCATTGGAATGAGTTCAGTGTTCAAACTGATTACTTGGAGTGACCCCATTTGCTATTGGAGCTTTTTCATGCTGAGCA-  AAATGGAGTTATGGTTGTTTGTTCAGCTGGAATGATGGACCTGACCCCTCAACTGTTGTGCAACACAGCTCCATGGT-  TGCTCACTGTGCGAGCTTCTAGCATGACAGAGATTTGAACTAGTATTGTTCTTGGAAAGTGAAAAACAAATCCAA  GGATCTGCCATTGTTTGTCAAACTTACTCACACAAGACTTATCCCTTGCATTTGCAAGAGGATATTGCTGCT-  TACTTTACCCTGAAAGCTGAAGCAAG GGATTGCCGTCCAGGATCATTAGATGCAAAAGAAGTAGAAGGCAAGG-  TCATTGTTGCTGCTGACAATGATCCAAGCATTCCAAGGAGAATAAAAAAATTAGTGGCAGAAGATGCTAAAAGCCA-  AAGGCCCTAATTTTTGAAATGAGGATGAGAAGGTTGCTCTTTGATTCAGGCATATCCCATGATGCAAGATTGG-  CAACTCAGACGGGCATCAAATCATCAACTCAAGTATAGATGGGCCACCCCAAAAATCAGAGGGTCACTATTAT  GAATCCAACAGCCCAATCCTCTCAACAGTTGATGTTCCAAAGTACAAGCCAGCAGCAGTTGTTGCATATTTCTCAT-  CAAGAGGTCAGGAGCCTTACAGAAAACATTCTCAAGGTTGTATACATACATATATACATATACACTTACATGATAT  CACCAGCGTTGCAATTTTACGTCGCAATTGTTCCGAAAGAAGGGACTGCTCGAATGGTAAAGTGGCAGCAATCTCCA-  GGTTTAAAGATCTGGAACATCCATGGCTTGCCACATGTCAGTGGAGCTGCAGCCTTCAATTAATCTTTGCGTCCGAT-  TGGACTTCTCCATGATCAAATCAGCTTATGACAACAGGTAACATTTTTGAGCCCACTCAAAGCTTTCATGCCAG-  GATTAGTATTGAAACAACAACAAAAGATTACCTTAGATTCTTTGCTTCTACGGTTACTCCAACAAAATTATCAAATCA-  ATGGCAACACCAACTTTAACTGCCAAAAAACTCCATTGACAAGCTCATCTCCAATGATAAAATACCCTTCAATCTCCA-  TAAACAAGCTTAGTGGGACAAAAGATCTTAGAACCCAGAGAAGCAAGTGCACAAACGTTGGCTGCACAAATGCCACTA-  CACTGCAAGCGTCCAAGCTCCGTCAGGATTGGTGGTTAATGTATATCCGAAGAAGATTAGTTTTGGTGAGGGTGA-  AGAGGGCTTCTTCAAAGTTTCATTACGACAGCAAGGAGGCTAGCAGTGGGTACAATTTTGGTTCAATAACATGGTGG-  GATGGTGCAGCAATCTGTTGCTGTTGTTGTTGCAGTAAATGTTGAATAA</p>

SP	MASSFLGLLSLLFLLAFRCRCFFIKSNSQ PYVVVYMGSSSSNEKNGDVTETAHLQLLSSIIIPS NEESERVSIIHHYSHS-FKGFSAAMLTEKASLLSE VEGVVSVPDRVLQLHTTRSWDFLEEEAAQPRISIWANSRYHKRSDVIVAVIDTG IWPESESFKDQGLGEIPARWKGVCMESPDFKKSNC DENSHLILLKSDLAVTMGRWLIWW KLIGARYYKTYLT-SNRTAGSPRDFLGHGHTASIAAGARVANASYFGLARGTAQ SGCSGATILKAIIDDAVEDGVDIISISIGMSS-LFQTDYLSDPPIAIGAFHAEQNGVMVVCASAGNDGPDSTVVNTAPWLLTVAASSIDRFESSIVLGNKGTIQG SAISLSNLHTKTYPLAFGKDIAAYFTPEAEARD CRPGSLDAKKVEGKVIVCLDNPSIPRRIKKLVAEDAKAKGLIFVNE-DEKGVFPDGGIFPYAQVGNSDGHQIINS SIDGPPHKIRGSLFMN PTATILSTVDVPKYKAPVVAYFSSRGPGAFTENILK-VVYIHIYTYLTCISP GVAILAAIVPKEGTAPNGKMPANYGLRSGTSMACPHVTGAAAFIKSLRPDWTSSMIKSALMTTGKL-FLSPLKALSPGLVFETTTKDYLRFLCFYGYSNKIIKSMANTNFNCPKNSIDKLISNINYPISISINKLSGTKILEPQKNSDKRWL-DKCHYTASVQAPSGLVVNVYPKISFGEVGRASFKVFSFSSKEASSGYNFGSITWWDGRRNSVRVVFVAVNVE*
Função	Proteinase inibitor

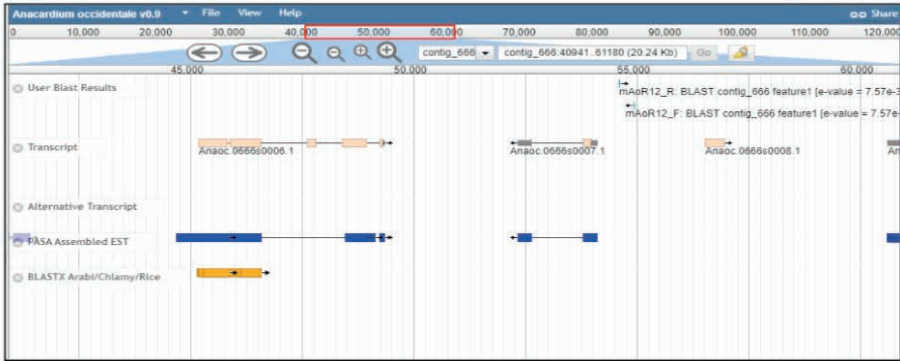
SG: Sequência genômica; ST: Sequência do Transcrito; SCDS: Sequência CDS; SP: Sequência do Peptídeo; FG: Função do gene.

Tabela 5. Descrição dos dados do gene Anaoc.0016s0799, flanqueado pelo marcador mAoR11.

Esses inibidores de proteína estão presentes nos tecidos vegetativos e reprodutivos, e com grande incidência em órgãos de reserva, bem como presente também nas sementes em inúmeras espécies de plantas. Dentre os diversos tecidos e órgãos das plantas, as sementes se destacam por serem ricas em nutrientes, incluindo macromoléculas como proteínas, carboidratos e lipídios. Dentre essas macromoléculas podemos destacar a presença de inibidores de proteases (IPs), que funcionam como proteínas de reserva (CÂNDIDO *et al.*, 2011).

Os inibidores de proteínas apresentam-se como sendo estruturas estáveis, com resistência ao calor, a possíveis alterações no pH, e a proteólise, além de atuar de modo especial como importante sistema de defesa contra patógenos e predadores. Estudos na área tem mostrado a presença de inibidores endógenos específicos em algumas espécies de leguminosas para proteases dos *Fusarium sp.*, *Helminthosporium sp.*, *Botrytis cinere* e fitopatógenos *Colletotrichum sp.*, além de inibição de atividade fitopatogênica de fungos em sementes de trigo, provisionando o crescimento micelial e germinação de esporos (DUNAEVSKII *et al.*, 2005).

O marcador mAoR12 está próximo ao gene Anaoc. 0666s0007, localizado no *conting* 666 no genoma *Anacardium occidentale* (Figura 7), sendo a sua sequência genômica com tamanho de 4169 pb, sequência do transcrito com 2234 pb, sequência codificante (CDS) com 2193 pb e sequência do peptídeo com 731 pb (Tabela 6). Como os marcadores não flanqueiam diretamente o gene, podemos ainda considerá-los, visto que a distância (em centiMorgan- cM) do gene aos marcadores é bem pequena, podendo co-segregar para as próximas gerações. Este gene possui função associada a proteínas de transferência de lipídios não específicas vegetal.



**Figura 7** - Flanqueamento do marcador SSR mAoR12 no banco de dados genômicos.

Fonte: Autora (2023).

SG	<p>CATTAACGAGCATCAAATCCAAGTAAATATGAGTGCTAGGGTTAGGGTATGTGTAAC-  TATCCTCGCAATATTGATAATAGCCGGCGACCAAGCGTCAGCTCAAACCAGTTGCACC-  GCAAAAATGCGAGATGTCGCCCTTGAATGCGAGGATTATATTGTAGACCCGGGACCGGA-  GGATTTGCCGTCTCTCGAATGTTGTGTGGCGGTGAACAAGGTTGGTGTGCCGTGCT-  TGTGTGACTATGTCACAGAGGGCTGGGAATATTTGGTTCCAGTCGCACAGACATGTG-  GCAAGAGATTTAATCCAGGATCGACATGTGGAAGATGTAAAATATTTAAGCTTTATAT-  TATTCCTTTCATAGTTTTCTTTTCATGAATCATGAGATTAATTTCTTGACTTTTGATA-  AGTTTGATTATGATTTGACTATCATTGAGAGGAAAACAGAATTTAAAGGACAAAAGAC-  TATCAACCACCTACTAAATTAATAAAAAAAAAAAGAAAGATAATTTAATAATAAAATAATTT-  TATATTATATATATATTAATAAATAAATAAATAATTTATTTATAAATATATTAAAGGATAGA-  TAAATTTTAAAGTTCGAATTAATTTATTTATTTATTTGATATTTAAAAATATATTATAAA-  ATAGTTTGTAATTAATTTGTATCTTAATTTATTGTGATTTTTAATGTAATTGTTATTTT-  TAAAATTTGAAAACATATTAATTTTATAAATCTAAAAACATCCATAACTTTTTCAAATTT-  CAAAAAATCTCAAATTTTTTCAAATAACAATCTCCTAAAATAAATTTTTAAAAATTA-  AAAATTTTAAAGTTCGAATTAATTTATTTATCATTAAACACACTAAACTTATTTATTAATA-  TAATTTATTTTTTTAATTTGTAATTACTGTAAACTATAATAAAAAAATTTCAAGAAATTT-  TCAAGATAAAATGTTATTGAGTTTGAAAAAATTAACAAAATAGCTGGTGGCAGAAATT-  TGACTTTTTATTTCAGTAAATCTGGGTGGGAATAAGTTTTAGCCAAATTTAAATGAT-  TATTAACCTTGCAACTCTTTATATGAAAGAAC TACAAAAGTCTTCTGGTGAACCAAG-  TCCTAAGCATACAGTATAGTTTCCCTGGTTCGTCTCTAATTTTTATTAATTAGTTATTA-  ACTTTATATGTTAGAGCACACTAAAGAATTAGTGATTACGCATTTATATGATATCTTAA-  TATATACAATTTAGGTTAATTTGGATGATCCTTTCTGATCAGACAAATCATGTTGAAGT-  TAATATATAATATATATAAAGGGTATACATAAATGATATAAATTTTTTATTTTTTTCTAAG-  TATATACATCAAATTCGGTGGAAATGCAAATATATATATGCTAATGTTGCTATGTATTT-  GCTTTATTAGGTGTCATCTTCCAAC TGAATAAATGGGAGAGCTTGAAATGATGAAGAA-  GCTTTATTGCTCGAATAATGTTATAATATATATAAATTCGATGATGAACAATAAGCA-  AGATCATGAGACATTTCTAATTTATTGTATGTTTATTCTGTCAATTTAAAGGATATAAA-  TAAATTTTTATTAGTTGCCACTCCGGCATTAAATATTATGTTTACTGTAGTGCGACCTTC-  TGTAACATTTCATACAAGTTATAGGATGATAGAATTAGCCTGAAAAATGATAATGAAAATA-  TACCAACTTAGTTTG</p>
ST	<p>CATTAACGAGCATCAAATCCAAGTAAATATGAGTGCTAGGGTTAGGGTATGTGTAAC-  TATCCTCGCAATATTGATAATAGCCGGCGACCAAGCGTCAGCTCAAACCAGTTGCACC-  GCAAAAATGCGAGATGTCGCCCTTGAATGCGAGGATTATATTGTAGACCCGGGACCGGA-  GGATTTGCCGTCTCTCGAATGTTGTGTGGCGGTGAACAAGGTTGGTGTGCCGTGCTT-  GTGTGACTATGTCACAGAGGGCTGGGAATATTTGGTTCCAGTCGCACAGACATGTGG-  CAAGAGATTTAATCCAGGATCGACATGTGGAAGTGTCCATCTCCAAC TGAATAAATGG-  GAGAGCTTGAATGATGAAGAAGCTTTATTGCTCGAATAATGTTATAATATATATATA-  ATATCGATGATGAACAATAAGCAAGATCATGAGACATTTCTAATTTATTGTATGTTTATT-  TCTGTCAATTTAAAGGATATAAATAAATTTTTATTAGTTGCCACTCCGGCATTAAATATTA-  TGTTTTACTGTAGTGCGACCTCTGTAACATTTTACATACAAGTTATAGGATGATAGAATTA-  GCCTGAAAAATGATAATGAAAATATACCAACTTAGTTTG</p>

SCDS	ATGCGAGGATTATATTGTAGACCCGGGACGGAGGATTTGCCGTCTCTCGAATGTTGTG-TGGCGGTGAACAAGGTTGGTGTGCCGTGCTTGTGTGACTATGTCACAGAGGGCTGG-GAATATTTGGTTCCAGTTCGCACAGACATGTGGCAAGAGATTTAATCCAGGATCGACAT-GTGGAAAGTGCATCATTCCAACCTGAATAA
SP	MRGLYCRPGTEDLPSLECCVAVNKVGVPCLCDYVTEGWEYLVPVAQTCGKRFPNGSTC-GSVIIPT*
Função	Bifunctional inhibitor/plant lipid transfer protein/seed storage helical domain, Transcription factor GRAS

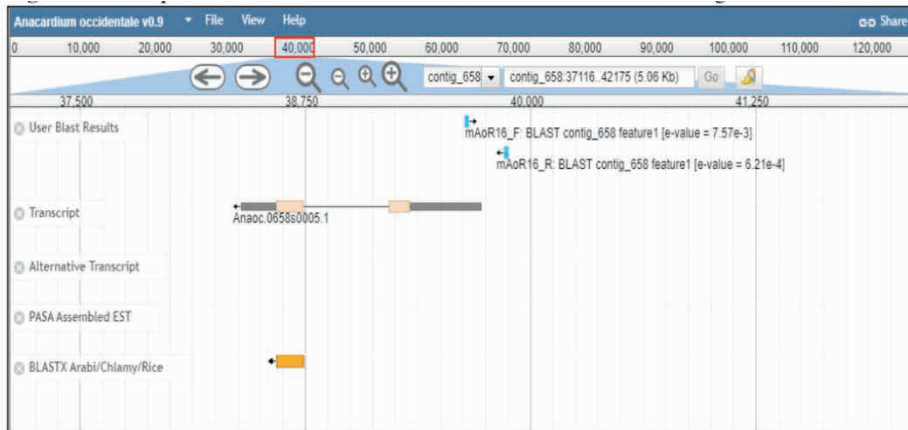
SG: Sequência genômica; ST: Sequência do Transcrito; SCDS: Sequência CDS; SP: Sequência do Peptídeo; FG: Função do gene.

Tabela 6. Descrição dos dados do gene Anaoc.0666s0007, flanqueado pelo marcador mAoR12

As proteínas de transferência de lipídios, identificados na cultura do arroz, são encontradas na membrana plasmática, nucléolo e citoplasma. Elas estão relacionadas as funções de estresse abiótico, atuando ainda no processo de germinação de sementes como importante regulador, além de controlar a conversão de amido, homeostase ABA, altura da planta e desenvolvimento do pólen (WANG *et al.*, 2015).

Proteínas de transferência de lipídios em plantas apresentam-se como uma das classes de grande importância, por serem de classe de defesa, atuando em atividades antimicrobianas e enzimáticas. Podendo variar de acordo com a espécie em questão, porém sendo sempre alto, como por exemplo em arroz, feijão mungo e milho (VIGNOLS *et al.*, 1994). Esses autores, retratam que as proteínas de transferência de lipídeos (LTP) se apresentam em até 4% do total de proteínas solúveis em plantas superiores, sugerindo novos papéis das mesmas, bem como na embriogênese, reações de defesa a pragas e doenças, atuação na formação de cutina, adaptação ambiental e simbiose.

O marcador mAoR16 flanqueou o gene Anaoc.0658s0005, localizado no *contig* 658 no genoma *Anacardium occidentale* (Figura 8) sendo a sua sequência genômica com tamanho de 1334 pb, sequência do transcrito com 859 pb, sequência codificante (CDS) com 270 pb e sequência do peptídeo com 90 pb (Tabela 7). Este gene possui função associada domínio básico helix-loop-helix (bHLH).



**Figura 8** - Flanqueamento do marcador SSR mAoR16 no banco de dados genômicos.

Fonte: Autora (2023).

SG	<p>GATGTTCAAACCTACCCCTCAGTCCGGTCCGTCACCTTTGATTACACACCCTCGTCACACA-CACCATAGCCCTCGCAACTCCACTGCTTTCTCCAATGCACCTTGCTCTTTCATAACCA-ACATCACTGTCTTGTACTGTGCTCTTTCTCTCTCTCTCTCCCCCTATTTACTTCCT-TGGGTGGTCTTGTCTCTTTATAACGCCCTTATCACCTTTCTCCAATTTTTCATATCTCT-TCTCTCTCAACTCTCAACTCTTTCTCTTCTCTCTCTCTCTCTCCACCTTCTTGTCTTC-TCCTTCTAAACTCTATAAGCCTCATATCTCTCTACAGATTCCCTTTTACGAGCTAGTTTAT-TATTAGCAAACCTTTAAAGCTCCCTACACTACAAAGTGACAAATGTCTACCAGAAGG-TCGAGGCAATCTGGTTCAAGGATCAGTGATGATCAGATCATTGAGCTCGTTTCCAAT-TACGCCAACTTCTCTGAGATTCGTGATAGGCGCCCCGAAAAGGTACACTATATAGTA-GCTCTCTCCATAATATATACATGTAATATATGTACATATACACACATACAAAGAGGA-AGAAGAAGAAGAAGAGGAAGATGAGAGTACTGGGAAAAAAAAAAAAAATAATAATAATA-ATAATACCACATGCTAGCATGGTTGCATGTAGCACATGTATTATAATAGTATATTTCAGT-TATAATATATACGAAAACACTGTAGATATGTTGGAAAATTTGACCAAGGAAAATTAAGA-GGAAGGTAGATGTTTCTTCAAGTCTAAGTCTGTTCAGAATGGAAGAAAATGCTATA-TATCTAAACATTAAGTTTAAAGCTTTTAAACATAGCTTTAGCCTTATTTTATGCCAGTTGT-GTTTTACATGATTTCCAGTGCATGTTGCACAAGGGCTGGCTGGCTGGCCAGCTTAGTT-TATAATTTGACCTGTCAATTTAATTTCAATTTTGTGCAGGCTTCTGCATCCAAGTTCTA-CAGGAAACCTGCAACTACATTAGAAGTTTGCACAGAGAAGTTGATGATCTGAGTGAAA-GACTATCTCAGCTTCTGTCCACCATTGATGCTGATAGTCTGAGGCTGCAATAATTAG-GAGTTAATTATGTAATGTCTAATTAGCTCTATTATTAATTAATATCGTTTTTATAGTTAAAT-TGTATTTGAAGCTACCTGCTACTTACTAAGTTTATGTAATTAAGTTGTATAATAAAGGT-GCTTGCACATAGCAAACCCACTTATACATGTGTATGTACATACATACATCTATATATATA-TATATATATATATGTTATATACT</p>
ST	<p>GATGTTCAAACCTACCCCTCAGTCCGGTCCGTCACCTTTGATTACACACCCTCGTCACACA-CACCATAGCCCTCGCAACTCCACTGCTTTCTCCAATGCACCTTGCTCTTTCATAACCA-ACATCACTGTCTTGTACTGTGCTCTTTCTCTCTCTCTCTCCCCCTATTTACTTCCT-TGGGTGGTCTTGTCTCTTTATAACGCCCTTATCACCTTTCTCCAATTTTTCATATCTCT-TCTCTCTCAACTCTCAACTCTTTCTCTTCTCTCTCTCTCTCTCCACCTTCTTGTCTTC-TCCTTCTAAACTCTATAAGCCTCATATCTCTCTACAGATTCCCTTTTACGAGCTAGTTTAT-TATTAGCAAACCTTTAAAGCTCCCTACACTACAAAGTGACAAATGTCTACCAGAAGG-TCGAGGCAATCTGGTTCAAGGATCAGTGATGATCAGATCATTGAGCTCGTTTCCAAT-TACGCCAACTTCTCTGAGATTCGTGATAGGCGCCCCGAAAAGGCTTCTGCATCCA-AGGTTCTACAGGAAAACCTGCAACTACATTAGAAGTTTGCACAGAGAAGTTGATGATCT-GAGTGAAAGACTATCTCAGCTTCTGTCCACCATTGATGCTGATAGTCTGAGGCTGCA-ATAATTAGGAGTTTAAATATGTAATGTCTAATTAGCTCTATTATTAATTAATATCGTTTTTA-TAGTTAAATTTGATTTGAAGCTACCTGCTACTTACTAAGTTTATGTAATTAAGTTGTATAATAAAGGT-TAATAAAGGTGCTTGCACATAGCAAACCCACTTATACATGTGTATGTACATACATACATCTATATATATA-TATATATATATATATATATATATGTTATATACT</p>

SCDS	ATGTCTACCAGAAGGTCGAGGCAATCTGGTTC AAGGATCAGTGATGATCAGATCATTGAGCTCGTTTCCAAATTACGCCAACCTTCTCCTGAGATTTCGTGATAGGCGCCCGAAAAGGCTTCTGCATCCAAGGTTCTACAGGAAACCTGCAACTACATTAGAAGTTTGCACAGAGAAGTTGATGATCTGAGTGAAAGACTATCTCAGCTTCTGTCCACCATTGATGCTGATAGTGTGAGGCTGCAATAATTAGGAGTTTAATTATGTAA
SP	MSTRRSRQSGSRISDDQIELVSKLRQLLPEIRDRRPEK ASASKVLQETCNYIRSLHREVDDLSERLSQLLSTIDADSAEAAIIRSLIM*
Função	Myc-type, basic helix-loop-helix (bHLH) domain,

SG: Sequência genômica; ST: Sequência do Transcrito; SCDS: Sequência CDS; SP: Sequência do Peptídeo; FG: Função do gene.

Tabela 7. Descrição dos dados do gene Anaoc.0658s0005, flanqueado pelo marcador mAoR16.

O domínio bHLH pode ser identificado em diversas proteínas eucarióticas, que, por sua vez, são proteínas de ligação específico ao DNA de sequência, atuando como fator de transcrição, em um domínio de 40-50 resíduos de aminoácidos. As proteínas do tipo Myc são caracterizadas em diversas vias vegetais, incluindo vias Biosintética dos flavonoides (GRANDORI *et al.*, 2000).

Estudos demonstram que fatores básicos de transcrição de bHLH atuam na regulação de uma diversidade de funções em *Arabidopsis*, cerca de 162 membros de funções dessas proteínas bHLH são identificadas nesta espécie, de modo geral atuam no crescimento desenvolvimento e manutenção da homeostase de ferro nas plantas, além de atuarem na germinação e floração, determinando o destino celular e respostas a diversos tipos de estresses, bem como na biossíntese e senescência foliar (LI *et al.*, 2006).

O marcador mAoR17 flanqueou o gene Anaoc.0011s0412, localizado no *scaffold* 11 no genoma *Anacardium occidentale* (Figura 9), sendo a sua sequência genômica com tamanho de 684 pb (Tabela7), sequência do transcrito com 684 pb, sequência codificante (CDS) com 684 pb e sequência do peptídeo com 228 pb (Tabela 8). Como não foi encontrada função associada, a mais aproximada foi encontrada para domínio para HOX.



Figura 9 - Flanqueamento do marcador SSR mAoR17 no banco de dados genômicos.

Fonte: Autora (2023).

SG	ATGGATCCTTTTGAATCAACAACATTAAGGTTGGTAAAGCAAATGGGGTTGCAAAGA- AGCCCCAGATTCGAAAGGTGGCGAGCTTGTTTCAGGGTGATCGAGATTTGTGTTGTCT- TGGTGGTGGTGACTAGGATTTTCTCGCTACTCCCAGTTGCTGTCAAGAGCTCTGGTGA- ATATCTCAAGGAAAGCAGTTGTCCTTTTTAGTCCTTGCTCTGTTTTCATAATTGGCA- ACCTAATAGTTGTCATTCTTTTTGCAAAGTCAGGACAGTTTTCGGCTCAAAAATTTACC- GGAAAGAATCCGAGAAAGGATTCTTTGAAGAGTTTCTGGAGAAGGGTGAACGATTA- AGAACATTCATCGGCATGAGGTGATATATAGAGAAAAACGGATCATTGTGAAGAAAAT- TCAGTTGGGGAAAGCACCATACTTCTTATCAAAGCAGCAGTTACAGGAGAAGCCAAT- CAGACAAGTTTAAAGGGTGCAATAGTGACAAATCATGCCGTGAACTGAGGCGATCACC- CACAGAGAATTGCAGGAAAAGTGCTAATTCTGGGGACATATCGGCCAAAATTTTATACC- CAGAAGATAATATGAGTAATGAAGAGTTCCGACGCACGATTGAAGCTTTCATTGCAAGG- CAGCAGAGGTTTCGCATGGAAGAAGAGTACTCTGTCAATTTAA
ST	ATGGATCCTTTTGAATCAACAACATTAAGGTTGGTAAAGCAAATGGGGTTGCAAAGA- AGCCCCAGATTCGAAAGGTGGCGAGCTTGTTTCAGGGTGATCGAGATTTGTGTTGTCT- TGGTGGTGGTGACTAGGATTTTCTCGCTACTCCCAGTTGCTGTCAAGAGCTCTGGTGA- ATATCTCAAGGAAAGCAGTTGTCCTTTTTAGTCCTTGCTCTGTTTTCATAATTGGCA- ACCTAATAGTTGTCATTCTTTTTGCAAAGTCAGGACAGTTTTCGGCTCAAAAATTTACC- GGAAAGAATCCGAGAAAGGATTCTTTGAAGAGTTTCTGGAGAAGGGTGAACGATTA- AGAACATTCATCGGCATGAGGTGATATATAGAGAAAAACGGATCATTGTGAAGAAAAT- TCAGTTGGGGAAAGCACCATACTTCTTATCAAAGCAGCAGTTACAGGAGAAGCCAAT- CAGACAAGTTTAAAGGGTGCAATAGTGACAAATCATGCCGTGAACTGAGGCGATCACC- CACAGAGAATTGCAGGAAAAGTGCTAATTCTGGGGACATATCGGCCAAAATTTTATACC- CAGAAGATAATATGAGTAATGAAGAGTTCCGACGCACGATTGAAGCTTTCATTGCAAGG- CAGCAGAGGTTTCGCATGGAAGAAGAGTACTCTGTCAATTTAA
SCDS	ATGGATCCTTTTGAATCAACAACATTAAGGTTGGTAAAGCAAATGGGGTTGCAAAGA- AGCCCCAGATTCGAAAGGTGGCGAGCTTGTTTCAGGGTGATCGAGATTTGTGTTGTCT- TGGTGGTGGTGACTAGGATTTTCTCGCTACTCCCAGTTGCTGTCAAGAGCTCTGGTGA- ATATCTCAAGGAAAGCAGTTGTCCTTTTTAGTCCTTGCTCTGTTTTCATAATTGGCA- ACCTAATAGTTGTCATTCTTTTTGCAAAGTCAGGACAGTTTTCGGCTCAAAAATTTACC- GGAAAGAATCCGAGAAAGGATTCTTTGAAGAGTTTCTGGAGAAGGGTGAACGATTA- AGAACATTCATCGGCATGAGGTGATATATAGAGAAAAACGGATCATTGTGAAGAAAAT- TCAGTTGGGGAAAGCACCATACTTCTTATCAAAGCAGCAGTTACAGGAGAAGCCAAT- CAGACAAGTTTAAAGGGTGCAATAGTGACAAATCATGCCGTGAACTGAGGCGATCACC- CACAGAGAATTGCAGGAAAAGTGCTAATTCTGGGGACATATCGGCCAAAATTTTATACC- CAGAAGATAATATGAGTAATGAAGAGTTCCGACGCACGATTGAAGCTTTCATTGCAAGG- CAGCAGAGGTTTCGCATGGAAGAAGAGTACTCTGTCAATTTAA
SP	MDPFEINNIKVGKANGVAKPKQIRKVASLFRVIEICVVLVVVTRIFSLLPVAVKSSGEYLK- DLTVVLFSPCSVFIIGNLIVILFAKSGQFSAQNFTGKNPRKDSFEFLEKGETIKNIHRHE- VIYREKRICEENSVGESTHTSYQSSSYRRSQDKFKGVNSDKSRELRRSPTENCRK- SANSGLDISAKILYPEDNMSNEEFRRITIEAFIARQQRFRMEEEYSVI*
Função	Transcription factor BSH, contains HOX domain

SG: Sequência genômica; ST: Sequência do Transcrito; SCDS: Sequência CDS; SP: Sequência do Peptídeo; FG: Função do gene.

Tabela 8. Descrição dos dados do gene Anaoc.0011s0412, flanqueado pelo marcador mAoR17.

Atuando na regulação transcricional, o domínio HOX liga-se diretamente aos níveis de ceramida, bem como taxas de síntese da mesma. Além disso as proteínas HOX são capazes de fazer ligação a sequências nucleotídicas específicas do DNA, sendo elas um subconjunto de fatores de transcrição que conseguem ativar ou reprimir centenas de genes (DUBOULE *et al.*, 1989).

O marcador mAoR29 foi localizado próximo ao gene Anaoc.0015s0338 (Figura 10), sendo associado a função de domínio de proteína quinase. Além disso, esse gene está localizado no *scaffold* 15 do genoma de *Anacardium occidentale*, sendo a sua sequência



genômica com tamanho de 5095 pb, sequência do transcrito com 1713 pb, sequência codificante (CDS) com 1104 pb e sequência do peptídeo com 368 pb (Tabela 9). A proteína quinase tem como papel fazer a transferência de  $\gamma$ -fosfato de adenosina trifosfato de magnésio para outras proteínas, resultando no desenvolvimento e crescimento das plantas.

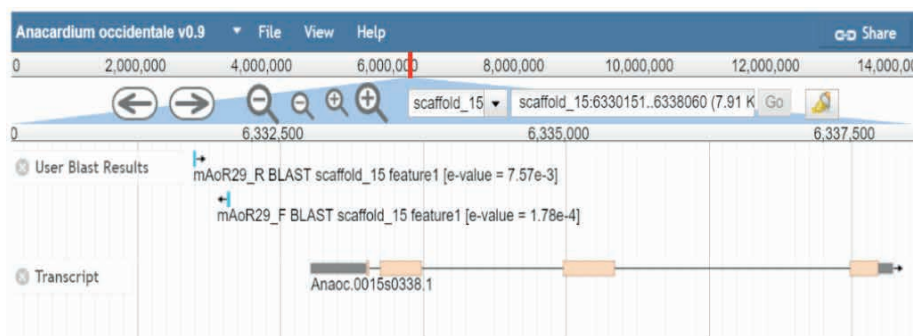


Figura 10. Flanqueamento do marcador SSR mAoR29 no banco de dados genômicos.

Fonte: Autora (2023).

As proteínas quinases são tidas como enzimas com capacidade de fazer modificações em outras proteínas quimicamente, por acréscimo de grupos fosfato, resultando na alteração funcional do substrato (proteína-alvo), assim fazendo modificações na atividade enzimática, associação com demais proteínas, ou localização celular (MANNING *et al.*, 2002).

Resultados de pesquisas indicam padrões de expressão genética que podem sofrer alterações com o encontro de quantidades excessivas de metais pesados por parte das plantas. Atuando no controle intracelular e transdução de sinais, englobando diversos fenômenos, bem como alterações estruturais e químicas. Dessa forma estas proteínas desempenham papel importante na aclimação de todos os organismos eucarióticos a mudanças ambientais (DIÉDHIU *et al.*, 2008).

8	mAoR29
SG	<p>GATTTAAACCATTTCATTGCATTACAGAGTTGTGAGAGAGAGAGAGAGAGAGGCCAGCTCTCTTGCATAGCATATGCTTTCACTGCACATCATCACTAACACACCTCCACTAACACAACCACCACCACCAGCACTCTTTCAATCTCTTCTCTCCCTCTTCCATTGATTCACCCACCTCGATATAATCCCCCACCCTTTGTTTTATCAGAAACCCCTGTGTGTGTGTTTTTTTTTTTTTTTTAAATATATTCTACGTAATCAGACTGCTTGGTTTTCTCTTCATCTGAGAGCTTTGAGAGCTGAAATACCTTTGTTTTTCCTTTTAATATCAGATGAAGAGAAGCTTAGATTTCTTGTGATTCGTTCCCCAGTTCGTGTTTTAATTTTTTCGTTGTTAAATGCTTGTAGATGTGCTAGACTGAGTATGATTATAGGTGGTTCAGTGCGCATATTCGAAATGTAGTTCGAATGACTTCAACATTTCAAGCTTTAAA GTTTAGTTTTCTTTTTTGTGTTTTCAATTTTTGAAAGCTTTTAAAGGTTTTAAATTAATGAATTTTTATCAAATCTTATCAGAAAACCCATGAAGAATTTTGAATGGTTGAAGCAAATCTCCATTACACCAAACCTGATAGGAGGCTCTCTTGGTGAATATAAGAGAGCTATTTTCGTGGTCTAAGTATTAGTCTCTCCGGTGCAGCGATAAAAAGGAGAAGGGGAAGAAGAATGGAGTGACAGACATGTCAGAGTTGTTTTATCCGCTGTAATTTGCTTCAGGAAGGCATAGTAGAATCTATAGAGGGATATACAAGCAGAGAGATGTGCCAATCAAGCTCGTTAGCCAGCCACAGGAAGATGAAAACCTGGCTCTTTTTCTGAAAAACAATCACTTCAGAGGTGGCTCTCTGTTTCGATTAAGCATCCTATCATCACTGTAAGTCCCTGGTCTTGGAAATTTCTAGTGTTCATGTTTCTGGGATGTAGTATTAATGCTTTTACTTCCCTCATAATTTAATTTACTCAAAGATGGTGAATATAAGAAAACAAGCAGTAATATCAATGGAACCTCAGTGCCTTTGTTTAAACAACAGTGCTATTTCTACTTCTAGTCATTTCAAATGACAACCTTTAAAGCTTTCTGTTGGGTCACCAAGTGATGACAGCAAGGAACAACCTGTTGAAATTTCTAGTGTTCATGTTTCTGGATCAGATAATTACTAGGATACTTACAGTCAATCTTTCATTTGGATCAGAGTAATAACTAGGATACTTACAGTAACTCTAATCTTAGTATCTGAACAGTATCTGTGTTTTCTAATATCCTATAATAGGCAATGTTTCCGTGATCTGATTTACAGCTGATATTTCCCTCTCTTTACTTTCTCCATTTTCTCAGCTGTCAAATTTAGAAGTGAATTAATCTCATAAACAACCTTTGTGACAGCAAGGAACAACCTGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAATTTCAAATTTATGATTTTCTGGAACAGACAAAATGAATATTTGGCAACACAGTTTTATTGAGAGATTAAGGATGATGGGATTTTTTACGCAGGTGGTGAATGGGCCACAATGCTTAGGACCCCTATATACTCTTTTACATCAAGGAAAGCCATGGGCTTACATAATTAGTCCCTTTCCGCTGCTTTATGCTTTTGGAGATTGCGTGATTTCAATTTAAGATTCCTGGCACCAGATTTTTCTTAAATTTAAAGCTGCCTTTTTCAGTAGACTTTCCCTCTAGTCTTTTTGATGTAGGTGCTGTTGGACAGATGGAATTTCTATCTCAATGCAACTGGTAGTGCA-TGTC AAGTAATAGTGAAGCATATACATATTGAATTTTTCTGTTTATTCAAACAATAGTATATGCTTATTTTTGACGTCAAAGTGTGTTGTTGATCTGTTTTCCCTTTTTCTTGGCAGTTTTGTTGACGATTTGTTGACGATTAACCACTCGTTATTTGTA-TAATCACCCAGATATCTAGCAGGAGGCTCCCTAAGAAAATATCTTCATCAGCAGGACCACATTCAGTACCACCTTAACTG-TGTTTTGAAACTAGCGCTGGACATTGCAGTGAATGCAATATCTTCAATCAAAGGAATCACTTCCATAGGACCTCAA-TCAAGAAAATTTGTTGCTTTGGAGATGATGCGGTGAAAGTAGCAGATTTTTGGCATCTGATAATCTCAGTGTGTA-GTAGTGCGAAGGGATTTACAGGTACTTATCGCTGGATGGCACCAGAATGATTAAGAAAAACACCATACAAGAAAGT-GTAGTCTACAGTTTTGGCATAGTTCTTTGGAGCTTTTAACTGCATTAACCCACTGCACAACATGACTCCAGAGCAAGCTGCATTTGCAGCTGCCGAAGGATAAATTTACCTGATGAAGTCAATGTAATGCTGCATCTCCACAATAATACGCA-ATACATGTTACCTCTGCCAAATCAATATGACTTATCGTCATAGTGGACCATACTCTCCCTTACACCAATTTTTGAA-TATAAGATGAAGTGCCTTACCTATTAGTAGAAGACGCAAGACTGACAGAATGTTTTGAGTGTGTTTTG-GCAATTTAAATTTGGTATAACAGCATCCAAGTGATTTTTGAAATTTAATCCTCTGAAATTTCTTCAAATGCTCTTTACA-AGTAAGAAGATGTATGGTAGAATGCATGATGAGCAATTTTTCTGCTTCAATCTTTAAATAGGGAACCTAATTTATCAT-GCATCTGTGATGTTTTGATGTTTTGATCCCTTAGCATTAAACCGCAAGACACTGCATAACAGCAAAAACCTTAGGCAAC-TCAATCATGGCACAGGGTCCCTGTTTTTCACTATGTTATTCCCTCGTGAATTTATCCCTTTTAAATTTTGTATGAA-TCAACAAAAGTATGTTCACTAAAAGCAATTTTTCTAGTTAACTAGATTTTTTAGAGGAAGTATGGGAGGTTTTCTG-TCAAGTTGCAACTAACATCAGACTGGTTCAGTAGAACAAACACATTTTGGCTGGCTTTTACTATTTTATTTACTTTT-CATTACAATTTGCATGTAGAATAAAATCATAAAATTTATTACCAAAGCAAATTTTCATTTATTAGTGATCACATTTTGG-CAAGCTTTGGTCTGCTAGATGCTTCTTACATGCTTTCATTTGGCATGAGTGACAGTCACTCATATATGCCTGTCTGT-TAATACCCTAATTAATGTGTAGGACTGCTGTTTTGCTGTAAACATGTACACACAGCACTCCCACACTGAGCCAGTG-TGGGGAGTTGTACATGTTGTCATTTGATGCAGACATATAAGAGAATTTTCCAGCATCTTCTGAGTCAAATGGATAGATG-CAATTTTTCTAGACAGCATAATGCCTGACCCAAATTCATTTGCAGTTAAACCGTGCCCGATGATTTGTCTGTTTTCAAC-TCAATGATGATGATCATTAAAGTGAATTTAAACATTTGACTTAAACCGACTGACCATGACCATGCGGCTTGGTCAAAC-TAGTTCAACTAGCTGGTCTCGTCTGGTTTTAAAACAATGGTTAGATGAGATCATATCTCTTTAAACATTTTGTAGTTT-CAT-TATCTGTGCATGATTTAGTCTCTCTAGAACAATATGGCTAATAGATGATGCTTTATATAAATCTATAGAAAATAGTAA-GCCAGTTTTGCCACCCTCGGGGCTGGAATTTGCTACATACTGAATAAATGAAATCCCAAGAGAGGACCCCTTGT-TATGAATTTATGGTCTCATGGAACATGTGTTGTGCTTGGTGTAAATTTATTTAGGGTTTTCTTTATATGATGCTCCATTCT-TAGTTTTGATGTTTTGTACACATTTTGGTACTTATTTAACTACTTAAATGAAGTTGAAATTTTCAATAATTAAT-TGATATTTTGCAAATCTTTGGATATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA-ACCGATTACATGCAGAAATTTTCAAAGTTTGAAGTTTGAATGAAATGCTGGAATATATCATAGAAAACCTGTTAGTGCT-GATTACATATGATATTGTTTACTCACCTGCAATTTACTATTTCAACTCGAGTGCTTTGAAATTTGGAGAAGAGCTTCC-TCTATGATGATGATCATTAACTGACTTGCATTTCTACTTTTTACTTCTTCTGTTCCGTCACCAATCCAGATGACGCCAT-TAGTTGCGTATGTTGGCTGAATTTAGTAGATATCTACTCCATTCATACCTGAACCTGCTCAATTTAGTACATGCACTGGA-TATCCTTAGAAAACAGAGCATTATGCAAAATTTCAATGATCATAACGCTGTGCTTGGTGCAGAACGCTAGACCACTT-ACCTCCAAACATGCTCCGGGCTTCAAGTCACTCATAAACCGTTGCTGGTCAACCAATCCAGATGACGCCACATTT-TAATGAAATAGTTCTGACTCTGGAAGTATTGACATCCCTGGAGGAGGATCCAGAATTTTTTCAAACCTTTTACCTT-CGCCTGATCATACTGTTAAGATGCTTACCAAACCTGATTTGATGGAATCGTTCTGCTCATTTAAAGCCCTGTGCTGTGA-GCTCTTTAATATAAAGTGAATCAAAATGATCATAATTTCTAGTTGTGAGGTTCTATATGAACCTTTAGATGTGCAATTA-AAATTGTTACTTCTTTATGTTTTCTGTTTATGTGAATCAGAG</p>



significativos são promissores, em novas perspectivas para melhoramento e estudos com a cultura, bem como favorecendo a cadeia produtiva da Cajucultura.

## REFERÊNCIAS

ALMEIDA, S. P.; PROENÇA, C. E. B.; SANO, S. M.; RIBEIRO, J. F. **Cerrado: espécies vegetais úteis**. Planaltina: EMBRAPA-CPAC, 1998. 178p.

AN, J. *et al.* Wheat F-box Protein TaFBA1 Positively Regulates Plant Drought Tolerance but Negatively Regulates Stomatal Closure. **Front. Plant. Sci.**, v. 10, p. 1242, 2019.

BUSO, G.; REIS, A.; AMARAL, Z.; FERREIRA, M. Novel and highly informative *Capsicum* SSR markers and their cross-species transferability. **Genetics and Molecular Research**, n. 15, p.1-12, 2016.

BUSO, G.S.C. *et al.* Marcadores Microssatélites em espécies vegetais. **Revista Biotecnologia Ciência e Desenvolvimento**, v. 29, p. 46-50, 2003.

CÂNDIDO, S. E. *et al.* Plant storage proteins with antimicrobial activity: novel insights into plant defense mechanisms. **FASEB J**, v. 25, p. 3290-3302, 2011.

CARVALHO, M.P.; SANTANA, D.G.; RANAL, M.A. Emergência de plântulas de *Anacardium humile* a. St.-Hil (Anacardiaceae) avaliada por meio de amostras pequenas. **Revista Brasileira de Botânica**, São Paulo, v.28, p.627-633, 2005.

CEMIG- Companhia Energética de Minas Gerais. **Assessoria de Coordenação Ambiental. Guia ilustrativo de plantas do cerrado de Minas Gerais**. Nobel, São Paulo, 2001.

DIÉDHIU, C. J. *et al.* The SNF1-type serinethreonine protein kinase SAPK4 regulates stress-responsive gene expression in rice. **BMC Plant Biology**, v.8, n.49, 2008.

DUBOULE, P.; DOLLÉ, P. The structural and functional organization of the murine HOX gene family resembles that of *Drosophila* homeotic genes. **EMBO J**, v. 5, p. 1497-1505, 1989.

DUNAEVSKII, Y. E. *et al.* Proteinase inhibitors as antistress proteins in higher plants. **Applied Biochemistry and Microbiology**, v. 41, n. 4, p. 344-348, 2005.

FERRÃO, J.E.M. **O cajueiro (*Anacardium occidentale* L.)**. Lisboa: Instituto de Investigação Científica Tropical, 1995.

FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 3. ed. EMBRAPA/CENARGEN, Brasília, 1998. 220p.

GRANDORI, C. *et al.* The Myc/Max/Mad network and the transcriptional control of cell behavior. **Annu. Rev. Cell Dev. Biol.** v. 16, p. 653-699, 2000.

LI, X. *et al.* Genome-wide analysis of basic/helix-loop-helix transcription factor family in rice and Arabidopsis. **Plant Physiology**, v. 141, p. 1167-1184, 2006.

MANNING *et al.* The protein kinase complement of the human genome. **Science**, v.298, n.5600, p.1912–1934, 2002.

MUKESH, J. *et al.* F-box proteins in rice. Genome-wide analysis, classification, temporal and spatial gene expression during panicle and seed development, and regulation by light and abiotic stress. **Plant Physiology**, v. 143, n.4, p. 1463-1483, 2007.

RAI, V.P. *et al.* Genetic diversity in *Capsicum* germplasm based on microsatellite and random amplified microsatellite polymorphism markers. **Physiology and Molecular Biology of Plants**, p. 575-586, 2013.

REGITANO, L.C.A.; COUTINHO, L.L. **Biologia molecular aplicada à produção animal**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2001. 205p.

SANO, E. E. *et al.* Land cover mapping of the tropical savanna region in Brazil. **Environmental Monitoring and Assessment**, v. 166, n. 1-4, p. 113-124, 2010.

SILVA, J. A. *et al.* **Coleta de sementes, produção de mudas e plantio de espécies frutíferas ativas dos cerrados: informações exploratórias**. Planaltina: Embrapa- CPAC, 1997. 23p.

SOARES, T. N. *et al.* Transferability and characterization of microsatellite loci in *Anacardium humile* St. Hill. (Anacardiaceae). **Genetics and Molecular Research**, p.3146-3149, 2013.

SOUZA, J.M. **Diversidade genética em acessos de *Anacardium humile* St. Hill usando marcadores microsatélites**, Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal de Goiás. Goiás. p.58. 2014.

TAIZ, L.; ZEIGER, F (2006). **Fisiologia Vegetal**. 4ª edição, Artmed. Porto Alegre.

VIGNOLS, F. *et al.* Caracterização de um gene de arroz que codifica uma proteína de transferência de lipídios. **Gene**, v. 142, p. 265-270, 1994.

WANG, X. *et al.* A lipid transfer protein, OsLTPL36, is essential for seed development and seed quality in rice. **Plant Science**, v. 239, p. 200-208, 2015.