



UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA

FACULDADE DE AGRONOMIA E MEDICINA VETERINÁRIA

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

**DESENVOLVIMENTO, VALIDAÇÃO, TRANSFERIBILIDADE E
APLICAÇÃO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES EM
ESTUDOS GENÉTICOS DAS PASSIFLORAS**

SUSAN ARAYA

**TESE DE DOUTORADO
EM AGRONOMIA**

**BRASÍLIA/DF
NOVEMBRO/2016**



UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA
FACULDADE DE AGRONOMIA E MEDICINA VETERINÁRIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

**DESENVOLVIMENTO, VALIDAÇÃO, TRANSFERIBILIDADE E
APLICAÇÃO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES EM
ESTUDOS GENÉTICOS DAS PASSIFLORAS**

SUSAN ARAYA

ORIENTADOR: FÁBIO GELAPE FALEIRO
CO-ORIENTADOR: MÁRCIO ELIAS FERREIRA

TESE DE DOUTORADO EM AGRONOMIA

PUBLICAÇÃO: 052D/2016

BRASÍLIA/DF
NOVEMBRO/2016

UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA
FACULDADE DE AGRONOMIA E MEDICINA VETERINÁRIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

**DESENVOLVIMENTO, VALIDAÇÃO, TRANSFERIBILIDADE E
APLICAÇÃO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES EM
ESTUDOS GENÉTICOS DAS PASSIFLORAS**

SUSAN ARAYA

TESE DE DOUTORADO SUBMETIDA AO PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA, COMO PARTE DOS REQUISITOS NECESSÁRIOS À OBTENÇÃO DO GRAU DE DOUTOR EM AGRONOMIA.

APROVADA POR:

Fábio Gelape Faleiro, D.Sc., Embrapa Cerrados, CPF: 739.634.706-82,
fabio.faleiro@embrapa.br (Orientador)

Nilton Tadeu Vilela Junqueira, D.Sc., Embrapa Cerrados, CPF: 309.620.646-53,
nilton.junqueira@embrapa.br (Examinador interno)

Jose Ricardo Peixoto, Dr., Universidade de Brasília, CPF: 354.356.236-34,
peixoto@unb.br (Examinador interno)

Ana Maria Costa, Dra., Embrapa Cerrados, CPF: 308.371.701-68,
ana-maria.costa@embrapa.br (Examinador externo)

Marco Aurélio Caldas de Pinho Pessoa Filho, Dr., Embrapa Cerrados,
CPF: 836.127.693-91, marco.pessoa@embrapa.br (Examinador externo)

BRASÍLIA/DF, 14 de NOVEMBRO de 2016.

FICHA CATALOGRÁFICA

Araya, Susan

Desenvolvimento, validação, transferibilidade e aplicação de marcadores microssatélites em estudos genéticos das Passifloras.

Susan Araya; orientação de Fábio Gelape Faleiro. – Brasília, 2016.

283 p. : il.

Tese de Doutorado (D) – Universidade de Brasília/Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, 2016.

1. *Passiflora edulis* Sims. 2. Marcadores microssatélites.

3. Transferibilidade 4. Modo de reprodução.

5. Cruzamentos. 6. Teste de paternidade.

I. Faleiro, F. G. II. Doutor.

CDD ou CDU
Agris / FAO

REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA

ARAYA, S. **Desenvolvimento, validação, transferibilidade e aplicação de marcadores microssatélites em estudos genéticos das Passifloras.** Brasília: Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília, 2016, 283 p. Tese de Doutorado.

CESSÃO DE DIREITOS

NOME DO AUTOR: SUSAN ARAYA

TÍTULO DA TESE: Desenvolvimento, validação, transferibilidade e utilização de marcadores microssatélites em estudos genéticos das Passifloras.

GRAU: Doutor

ANO: 2016

É concedida à Universidade de Brasília de Brasília permissão para reproduzir cópias desta tese de doutorado para única e exclusivamente propósitos acadêmicos e científicos. O autor reserva para si os outros direitos autorais, de publicação. Nenhuma parte desta tese de doutorado pode ser reproduzida sem a autorização por escrito do autor. Citações são estimuladas, desde que citada à fonte.

Nome: SUSAN ARAYA

CPF: 749.345.381-00

Endereço: SGAS 611 L3 Sul, Conjunto D, Parte C, Asa Sul, Brasília CEP 70.200-710

Telefone: (61) 9-8124-0221

E-mail: susan_araya@hotmail.com

SUMÁRIO

	Página
RESUMO GERAL	i
GENERAL ABSTRACT	iii
INTRODUÇÃO GERAL	01
OBJETIVO GERAL.....	02
OBJETIVOS ESPECÍFICOS.....	02
REVISÃO DE LITERATURA.....	03
Produção de maracujá no Brasil	03
Características de <i>Passiflora edulis</i>	03
Variabilidade genética das Passifloras.....	04
Melhoramento genético do maracujazeiro.....	05
Marcadores moleculares	05
Marcadores microsatélites.....	06
Desenvolvimento de marcadores microsatélites	07
Uso dos marcadores microsatélites	08
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	09
CAPÍTULO 1. DESENVOLVIMENTO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES POR MEIO DO SEQUENCIAMENTO PARCIAL DO GENOMA DE MARACUJÁ-AMARELO <i>Passiflora edulis</i> Sims E TRANSFERIBILIDADE PARA 78 ESPÉCIES DO GÊNERO <i>Passiflora</i>.....	21
RESUMO.....	22
ABSTRACT.....	23
INTRODUÇÃO	24
MATERIAL E MÉTODOS	26
Extração de DNA e sequenciamento do genoma.....	26
Montagem <i>de novo</i> do genoma	26
Identificação de microsatélites e desenvolvimento de marcadores.....	27
Testes de PCR dos marcadores microsatélites	28
Material vegetal e descrição estatística dos marcadores microsatélites	28
Transferibilidade de marcadores microsatélites de <i>P. edulis</i>	32
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	33
Sequenciamento parcial e montagem <i>de novo</i> do genoma de <i>Passiflora edulis</i> Sims para a detecção de microsatélites	33
Estatística descritiva dos marcadores microsatélites.....	36
Transferibilidade dos marcadores microsatélites em espécies de <i>Passiflora</i>	39
CONCLUSÕES	46

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	47
CAPÍTULO 2. ESTIMATIVA DAS TAXAS DE AUTOGAMIA E ALOGAMIA NA CULTIVAR BRS MARACUJÁ JABOTICABA DE <i>Passiflora edulis</i> Sims UTILIZANDO MARCADORES MICROSSATÉLITES	56
RESUMO.....	57
ABSTRACT.....	58
INTRODUÇÃO	59
MATERIAL E MÉTODOS	61
Material vegetal	61
Extração de DNA e genotipagem	63
Estatísticas e análises de dados	63
RESULTADOS E DISCUSSÃO	64
CONCLUSÕES	74
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	75
ANEXO.....	82
CAPÍTULO 3. ANÁLISE DE PATERNIDADE EM GENÓTIPOS DE <i>PASSIFLORA</i> OBTIDOS A PARTIR DE CRUZAMENTOS INTERESPECÍFICOS UTILIZANDO MARCADORES MICROSSATÉLITES	88
RESUMO.....	89
ABSTRACT.....	90
INTRODUÇÃO	91
MATERIAL E MÉTODOS	92
Material vegetal	92
Extração de DNA e genotipagem	94
Binagem e frequências alélicas	95
Análise de paternidade.....	96
RESULTADOS E DISCUSSÃO	97
Genealogia A	98
Genealogia B.....	100
Genealogia C.....	104
Genealogia D	109
CONCLUSÕES	112
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	112
ANEXO.....	118
APÊNDICE.....	120

DESENVOLVIMENTO, VALIDAÇÃO, TRANSFERIBILIDADE E APLICAÇÃO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES EM ESTUDOS GENÉTICOS DAS PASSIFLORAS

RESUMO GERAL

O gênero *Passiflora* compreende centenas de espécies silvestres e cultivadas de maracujá que possuem diversos usos na alimentação, na indústria, na medicina e também no paisagismo. Esforços para desenvolver ferramentas de análises genéticas em *Passiflora edulis* Sims, a espécie mais importante do gênero *Passiflora*, ainda são incipientes. Nessa pesquisa, é descrito o uso do Sequenciamento de Nova Geração para a montagem parcial do genoma de *P. edulis* com o intuito de desenvolver centenas de novos marcadores microssatélites. Um total de 14,11 Gpb de *reads* de sequências *paired-end* de Illumina foram analisadas para detectar sequências simples repetidas no genoma de maracujá. Uma amostra de 1.300 *contigs* que continham sequências de microssatélites foram selecionadas para o desenvolvimento de *primers* para PCR. Os painéis para os marcadores di- e tri-nucleotídeos selecionados, foram testados em acessos de *P. edulis* para a sua validação. Polimorfismo foi detectado em 74% dos marcadores (PIC=0,16-0,77; número de alelos/loco=2-7). Os marcadores mais polimórficos (PIC=0,46-0,77) foram usados em análises de transferibilidade, modo de reprodução e confirmação de cruzamentos. Os marcadores foram testados em 78 espécies de *Passiflora*, onde aproximadamente 71% da combinação marcador/espécie foi positiva para a amplificação em todas as espécies testadas. No estudo do modo de reprodução da cultivar BRS Maracujá Jaboticaba de *P. edulis*, nas populações de polinização aberta, a taxa de cruzamento multiloco (t_m) variou entre 0,409 e 0,566, evidenciando modo de reprodução misto por meio de autogamia e alogamia. Na confirmação de cruzamentos, foram analisados os genitores de quatro genealogias para a Inclusão ou Exclusão Categóricas para cada loco, e então calculados os Índice de Paternidade (PI) e a Probabilidade de Paternidade (W) para os verdadeiros genitores. Os marcadores microssatélites testados auxiliaram na exclusão de 7 supostos genitores de 6 cruzamentos em 4 genealogias, e confirmaram como genitores verdadeiros 5 dos supostos genitores, onde W variou entre 95,137 e 99,999%. Nossos estudos confirmaram a obtenção dos híbridos sexuais do

cruzamentos interespecífico *P. edulis* GA2 x *P. incarnata*. Os marcadores moleculares microssatélites desenvolvidos, validados e utilizados nesse trabalho serão de grande utilidade para diferentes estudos genéticos das Passifloras por diferentes grupos de pesquisa no Brasil e no mundo.

Palavras-chave: *Passiflora edulis*, montagem do genoma *de novo*, microssatélites, modo de reprodução, cruzamentos interespecíficos

DEVELOPMENT, VALIDATION, TRANSFERABILITY AND APPLICATION OF MICROSATELLITE MARKERS IN GENETIC STUDIES OF PASSIFLORAS

GENERAL ABSTRACT

The *Passiflora* genus comprises hundreds of wild and cultivated species of passion fruit used for food, industrial, ornamental and medicinal purposes. Efforts to develop genomic tools for genetic analysis of *P. edulis*, the most important of the *Passiflora* species, are still incipient. We describe the use of NGS technology to partially assemble the *P. edulis* genome in order to develop hundreds of new microsatellite markers. A total of 14.11 Mbp of Illumina paired-end sequence reads were analyzed to detect simple sequence repeat sites in the sour passion fruit genome. A sample of 1,300 contigs containing perfect repeat microsatellite sequences was selected for PCR primer development. A panel of di- and tri-nucleotide repeat markers selected were then tested in *P. edulis* germplasm accessions for validation. DNA polymorphism was detected in 74% of the markers (PIC= 0.16 to 0.77; number of alleles/locus= 2 to 7). A core panel of highly polymorphic markers (PIC= 0.46 to 0.77) was used in analysis of cross-amplify, mating system and confirmation crosses in *Passiflora*. The markers tested in 78 species of *Passiflora* resulted in 71% of the marker/species combinations for positive amplicons in all species tested. In the study of mating system in the cultivar BRS Maracujá Jaboticaba of *P. edulis*, in three of the offspring that comes from commercial orchards of *P. edulis* allogamy were confirmed with multilocus outcrossing rate (t_m) 0,409 to 0,566, that is an evidence of the mixed mating system through autogamy and allogamy. For the confirmation of crosses we analyzed the genitors from crosses of four genealogies by Categorical Inclusion or Exclusion for each loci, and then, estimated the Paternity Index (PI) and the Probability of Paternity (W) for the true genitor. Microsatellite markers tested assist for the exclusion of 7 alleged genitors of 6 crossings in 4 genealogies, and confirmed as a true genitors 5 alleged genitors, where W was rated between 95.137 and 99.999%. Our research confirms the achievement of sexual hybrid for interspecific crossing of *P. edulis* GA2 x *P. incarnata*. The new microsatellite markers, validated and used in this research,

will be useful for different genetic studies of *Passiflora* by different research groups in Brazil and worldwide.

Key words: *Passiflora edulis*, *de novo* genome assembly, microsatellite, mating system, interspecific crosses

INTRODUÇÃO GERAL

O maracujazeiro pertence à família *Passifloraceae*, a qual possui mais de 500 espécies distribuídas em regiões tropicais da América, Ásia e África (FEUILLET, 2004; MACDOUGAL; FEUILLET, 2004; VANDERPLANK, 1996). Brasil e Colômbia são os maiores centros de diversidade (FERREIRA, 1994; OCAMPO; D'EECKENBRUGGE; JARVIS, 2010). Dentro dessa família, a espécie mais importante é *Passiflora edulis* Sims ($2n=2x=18$), que representa uma produção mundial de 1.270.000 toneladas (FAO, 2011) onde o destino dos frutos é principalmente para a fabricação de sucos e concentrados, e o consumo *in natura*. Atualmente, o Brasil é o maior produtor e consumidor de maracujá no mundo (FAO, 2011), onde a cultura apresenta uma franca expansão, mas que ainda enfrenta problemas no sistema de produção devido em parte, à uma carência de cultivares adaptadas aos diferentes agroecossistemas e com adequado nível de resistência às principais doenças (MELETTI et al., 2005).

A espécie *P. edulis* apresenta uma ampla variedade de cores de casca nos seus frutos, começando desde o amarelo, passando pelo vermelho e chegando até o roxo. O maracujazeiro-amarelo é considerado como uma mutação do maracujazeiro-roxo ou como um híbrido natural entre o roxo e outras espécies relacionadas (AKAMINE; GIROLAMI, 1959). A diferença tem separado a espécie, tradicionalmente, em duas formas: *flavicarpa* e *edulis* (maracujazeiro-amarelo e maracujazeiro-roxo, respectivamente). Entretanto, em termos taxonômicos, segundo BERNACCI et al. (2008), a maneira correta é utilizar *Passiflora edulis* Sims para toda e qualquer planta e cor de fruto do maracujazeiro-azedo, seguido do nome da cultivar.

Maracujazeiro-amarelo é utilizado principalmente na fabricação de sucos e polpas (SOUZA; MELETTI, 1997). Já maracujazeiro-roxo possui características físicas e organolépticas interessantes para o mercado de frutas exóticas (MELETTI, 1999).

Considerando a importância dessa cultura e seus principais usos, programas de melhoramento genético têm realizado cruzamentos inter e intraespecíficos para obtenção de híbridos utilizando espécies como *Passiflora setacea*, *Passiflora quadrifaria*, *Passiflora incarnata*, entre outras espécies compatíveis com a espécie comercial, para a introdução de características desejáveis (MELETTI et al., 2005). Certamente ainda existem muitas outras espécies que devem ser devidamente

caracterizadas para seu uso em programas de melhoramento (CERQUEIRA-SILVA et al., 2014a).

Marcadores moleculares têm sido utilizados como ferramentas auxiliares nas diferentes etapas do melhoramento genético, desde a caracterização de germoplasma até as etapas finais de desenvolvimento e seleção de plantas melhoradas (FERREIRA; FALEIRO, 2008; FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998). Dentro da ampla gama de marcadores moleculares utilizados, marcadores microssatélites apresentam grandes vantagens como a alta reprodutibilidade, codominância, alto conteúdo de polimorfismo e alelismo múltiplo (CHEN et al., 1997; LITT; LUTY, 1989).

Dentro da família *Passifloraceae*, algumas pesquisas têm desenvolvido marcadores microssatélites (CERQUEIRA-SILVA et al., 2012, 2014b; OLIVEIRA, 2006; OLIVEIRA et al., 2005; PADUA et al., 2005; PENHA et al., 2013), mas os resultados obtidos para os locos descobertos, têm sido insatisfatórios em relação ao polimorfismo detectado, principalmente em *P. edulis*, que é uma espécie autoincompatível e de grande importância econômica e social.

OBJETIVO GERAL

Desenvolver e validar marcadores microssatélites por meio do sequenciamento parcial do genoma de *Passiflora edulis* Sims, e utilizar esses marcadores em análises da variabilidade genética, do modo de reprodução de uma cultivar de maracujazeiro-roxo e na confirmação de cruzamentos inter e intraespecíficos realizados no programa de melhoramento genético das Passifloras realizado na Embrapa Cerrados.

OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Desenvolver e validar marcadores microssatélites por meio do sequenciamento parcial do genoma de *P. edulis*.
- Analisar a transferibilidade dos marcadores microssatélites desenvolvidos e validados em *P. edulis* para outras espécies do gênero *Passiflora*.
- Analisar a autocompatibilidade e taxas de alogamia e autogamia na cultivar BRS Maracujá Jaboticaba de maracujazeiro-roxo (*P. edulis*) utilizando marcadores microssatélites.

- Realizar análises de paternidade utilizando marcadores microssatélites, para a confirmação de cruzamentos realizados no programa de melhoramento das Passifloras.

REVISÃO DE LITERATURA

Produção de maracujá no Brasil

A produção de maracujá vem ganhando grande importância no Brasil a partir das últimas três décadas, o que coloca o País em uma situação de destaque no ranking mundial. A área plantada de maracujazeiro-azedo no Brasil, segundo o Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística, corresponde a 51.187 ha alcançando uma produção de 921.275 t (IBGE, 2015). As maiores regiões produtoras de maracujazeiro no Brasil são o Nordeste e o Sudeste, e o Estado com maior produção é a Bahia, seguido por Ceará e Sergipe (IBGE, 2014). O rendimento nacional de aproximadamente 14 toneladas por hectare é baixo, considerando que o potencial da cultura é superior a 50 toneladas por hectare (MELETTI et al., 2005). Entre as causas da baixa produtividade estão o uso de cultivares inadequadas (JUNQUEIRA et al., 1999), a carência na utilização de tecnologias no sistema de produção, as condições edáficas e climáticas desfavoráveis para a cultura, e a ocorrência de fatores bióticos e abióticos que diminuem a produção e a longevidade das plantas (LIMA; BORGES, 2002). Portanto, o melhoramento genético focado no desempenho agrônomico torna-se fundamental, assim como para a obtenção de cultivares resistentes a fitopatógenos (FALEIRO; JUNQUEIRA; COSTA, 2015).

Características de *Passiflora edulis*

O maracujazeiro-azedo ou *Passiflora edulis* Sims é uma planta trepadeira sublenhosa que apresenta grande vigor vegetativo e que pertence à família *Passifloraceae*. É uma espécie diploide ($2n=2x=18$), onde seu genoma é de tamanho médio entre 3.096 e 3.126 Mpb (SOUZA et al., 2004).

Seu caule é cilíndrico ou subanguloso e estriado. Suas folhas são trilobadas, trinervadas com lóbulos oblongo-ovados ou ovados, com ápice agudo e, às vezes um par de glândulas sésseis nos sinus dos lóbulos. A margem é serreada ou serreado-

glandular. Possui gavinhas axilares, solitárias e bem desenvolvidas e robustas. (CERVI, 1997).

A flor de *P. edulis* é hermafrodita, grande, vistosa e protegida na base por brácteas foliares. O ovário encontra-se sobre o androginóforo. Os três estiletes são livres e conatos na base, com estigmas capitados. O androceu é formado por cinco estames, com filetes livres inseridos abaixo do ovário e anteras dorsifixas e versáteis (BRUCKNER, 1997; VANDERPLANK, 1996). Embora a flor de *P. edulis* seja hermafrodita, ela é incapaz de produzir zigotos após autopolinização, devido à autoincompatibilidade, isto faz que o produtor precise ter um grande número de plantas geneticamente distintas em seu pomar. BRUCKNER et al. (1995) concluíram que a autoincompatibilidade em maracujazeiro-amarelo é do tipo homomórfica esporofítica, de herança monofatorial, entretanto, estudos realizados por SUASSUNA et al. (2003), sugerem a existência de um gene de efeito gametofítico associado ao sistema esporofítico. Por outro lado, na mesma espécie, mas em maracujazeiro-roxo, tem sido observada a autocompatibilidade (CHANG, 1974, 1981; ISHIHATA, 1981; RÊGO, 1997).

Os frutos de *P. edulis* são globosos ou ovoides, que apresentam grande variação de cores como amarelo-pálido, amarelo, amarelo-alaranjado, vermelho-rosado, vermelho, roxo-avermelhado, roxo-esverdeado, roxo e roxo-escuro (CERVI, 1997). Característica de herança complexa e que não apresenta dominância, existindo, portanto, várias cores intermediárias (BERNACCI et al., 2008).

Variabilidade genética das Passifloras

O gênero *Passiflora* está composto por mais de 500 espécies (VANDERPLANK, 1996), sendo que mais de 150 são originárias do Brasil, um dos principais centros de diversidade genética, observando uma ampla diversidade no Centro-Norte do País (FERREIRA, 1994). Segundo CUNHA (1997), dessas espécies, cerca de 70 produzem frutos comestíveis e segundo VIEIRA e CARNEIRO (2004), mais de 50 apresentam potencial comercial. Por exemplo, FALEIRO; JUNQUEIRA e COSTA (2015) e FALEIRO et al. (2013) relatam o potencial agrônomo na produção de frutos das espécies *P. alata*, *P. setacea*, *P. nitida*, *P. tenuifila*, *P. cincinnata*, *P. quadrangularis* e *P. maliformis* para o mercado de frutas frescas, na produção de matéria-prima para doces e sorvetes e também substâncias bioativas com propriedades medicinais.

Melhoramento genético do maracujazeiro

As primeiras cultivares híbridas de maracujazeiro-azedo, obtidas a partir do melhoramento genético, foram lançadas em 1999 pelo Instituto Agrônomo (IAC) para atender à especialização do mercado que buscava frutos de menor espessura da casca e homogeneidade (MELETTI, 2011). Com o passar do tempo, o foco mudou devido ao aumento da ocorrência de doenças nessa cultura, as quais depreciam a qualidade do fruto, diminuindo seu valor comercial e reduzindo a produtividade e a longevidade do pomar (FALEIRO; JUNQUEIRA; COSTA, 2015). Sendo assim, o melhoramento buscou selecionar genótipos superiores que fossem resistentes às doenças dentro e fora da espécie *P. edulis*, realizando hibridações intra e interespecíficas, e por sua vez retrocruzamentos, os quais têm sido utilizados com sucesso na incorporação de genes de resistência e outros genes de interesse em materiais comerciais (JUNQUEIRA et al., 2005; FALEIRO et al., 2008; FALEIRO; JUNQUEIRA, 2009; FONSECA et al., 2009).

Marcadores moleculares

Marcadores moleculares podem ser definidos como marcadores genéticos baseados na detecção de isoenzimas ou sequências de DNA. Entre as vantagens dos marcadores moleculares, estão a obtenção de um número praticamente ilimitado de polimorfismos genéticos; a identificação direta do genótipo sem influência do ambiente; a possibilidade de detecção de tais polimorfismos em qualquer estágio do desenvolvimento da planta ou do animal, ou a partir de cultura de células ou tecidos, e a possibilidade de gerar maior quantidade de informação genética por loco no caso de marcadores codominantes (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1997).

A disponibilidade de marcadores genéticos é fundamental na biologia e no melhoramento de plantas para a caracterização e seleção de plantas, para o mapeamento de genes e para a avaliação e análises de diversidade genética (RUDD et al., 2005).

Marcadores moleculares podem ser separados em dois grupos principais: a) marcadores moleculares loco-específicos codominantes, como RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*, GRODZICKER et al., 1974) e SSR ou microssatélites (*Sequências Simples Repetidas*, LITT; LUTY, 1989) e b) marcadores loco não-específicos dominantes, como RAPD (*Random Amplified Polymorphic*

DNA, WELSH; McCLELLAND, 1990) e AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*, VOS et al., 1995), ambos baseados na PCR (*Polymerase Chain Reaction*). Há outros marcadores que têm por base a PCR, porém um ou ambos os *primers* são assentados em sequências alvo, como RGA (*Resistance Gene Analogs*, LOPEZ et al., 2003; PFLIEGER et al., 2001; VALLAD et al., 2001; VAN DER LINDEN et al., 2004) e TRAP (*Target Region Amplification Polymorphism*, HU; VICK, 2003).

Para estudos de diversidade genética no gênero *Passiflora* têm sido usados marcadores RAPD (CROCHEMORE et al., 2003; FAJARDO et al., 1998; VIANA et al., 2003), cpDNA (SÁNCHEZ et al., 1999), Isoenzimas (SEGURA et al., 2003), AFPL (SEGURA, et al., 2002), SSR (OLIVEIRA et al., 2005; PADUA et al., 2005) e ISSR (SANTOS et al., 2011).

Marcadores microssatélites

Microssatélites ou SSR (*Sequências Simples Repetidas*) são sequências de 1 a 6 nucleotídeos, chamados de motivos, repetidos em *tandem* (LITT; LUTY, 1989) e que se encontram presentes em regiões codificadoras e não codificadoras dos genomas eucarióticos e procarióticos (FIELD; WILLS, 1996). Inicialmente, microssatélites foram desenvolvidos em humanos (LITT; LUTY, 1989; WEISSENBAACH et al., 1992) e então, estudos realizados em plantas demonstraram que são amplamente distribuídos nos seus genomas (BRUNEL, 1994).

As vantagens do uso de microssatélites sobre outros marcadores moleculares nos estudos genéticos são a reprodutibilidade, simplicidade e rapidez, pequena quantidade de DNA requerida, baixo custo de utilização, grande poder de resolução e altos níveis de polimorfismo (CHEN et al., 1997; LITT; LUTY, 1989). Além disso, os marcadores microssatélites podem ser usados para análises de transferibilidade, pedigrees e populações (BRONDANI et al., 1998).

Sequências que flanqueiam os microssatélites são bastante conservadas e são utilizadas para o desenho de *primers* e a amplificação dos microssatélites. A diferença de tamanho entre os fragmentos amplificados permite detectar o polimorfismo. Essa diferença se deve ao número de repetições dentro dos microssatélites. Além disso, os microssatélites parecem ter uma distribuição frequente e aleatória, permitindo uma cobertura completa do genoma (RALLO et al., 2000). As principais desvantagens são o alto custo requerido no desenvolvimento de *primers* específicos, quando eles não

estão disponíveis para a espécie a ser estudada (LITT; LUTY, 1989; MORGANTE; OLIVIERI, 1993; QUELLER et al., 1993).

Desenvolvimento de marcadores microssatélites

A estratégia de desenvolvimento de microssatélite, inicialmente proposta, envolvia a construção de biblioteca genômica, hibridização com sondas contendo microssatélite, sequenciamento dos clones hibridizados positivamente e desenho dos *primers* flanqueando os microssatélites encontrados (CAIXETA et al., 2006). O número de clones positivos, contendo os microssatélites, que podem ser obtidos com essa técnica, varia entre 12% a menos do que 0,04% do total de clones analisados (ZANE et al., 2002).

Atualmente, a aplicação de tecnologias de sequenciamento de nova geração é capaz de gerar informação sobre milhões de pares de bases em uma única corrida (CARVALHO; SILVA, 2010), o que gera dados sequenciados para a identificação de microssatélites em regiões aleatórias do genoma para o desenho de *primers* (ABDELKRIM et al., 2009; ZHU et al., 2012). Dentro das vantagens da técnica está o maior tamanho das leituras e a grande capacidade de gerar informação, o que torna o projeto de montagem mais fácil e permite trabalhar com coberturas genômicas mais amplas, favorecendo o processo de montagem (CARVALHO; SILVA, 2010).

O impacto no uso desta técnica no desenvolvimento de marcadores microssatélites é evidente: avaliações do genoma parcial utilizando até mesmo frações de uma corrida de sequenciamento de nova geração permitem a descoberta de milhares de regiões de microssatélites potencialmente amplificáveis, as que podem ser selecionadas para o desenho de *primers* (CASTOE et al., 2010). Esta é uma abordagem promissora para espécies com informação genômica limitada, cujos programas de melhoramento se beneficiariam muito com o uso de ferramentas genômicas (SILVA et al., 2013).

Em *Passifloras*, vários trabalhos têm sido realizados para desenvolver microssatélites usando o método de bibliotecas enriquecidas, mas os microssatélites tem sido, em sua maioria, imperfeitos e compostos, o que tem afetado o nível de polimorfismo observado (CAZÉ et al., 2012; CERQUEIRA-SILVA et al., 2014; OLIVEIRA et al., 2005; PADUA et al., 2005; PENHA et al., 2013).

Uso dos marcadores microssatélites

Em geral, marcadores microssatélites têm sido utilizados para a construção de mapas de ligação (BRONDANI et al., 2002; HAMWIEH et al., 2005; LESPINASSE et al., 2000; PUGH et al., 2004; TEMNYKH et al., 2000), proteção de cultivares (PRIOLLI et al., 2004), *fingerprinting* (MOTILAL et al., 2011), caracterização e conservação de germoplasma (MASON et al., 2005), análise de pedigree (KOTZAMANIDIS et al., 2011) e estudos de diversidade genética (COLLEVATTI et al., 1999).

Já no gênero *Passiflora*, diversos são os trabalhos relacionados ao desenvolvimento e utilização de marcadores microssatélites em diferentes estudos genéticos. Em *P. edulis*, OLIVEIRA et al. (2005a) trabalharam em estudos de diversidade genética no desenvolvimento do primeiro conjunto de locos de microssatélites isolados a partir de uma biblioteca genômica. Em *Passiflora alata*, PADUA et al. (2005) desenvolveram um conjunto de marcadores microssatélites para analisar a estrutura genética da população silvestre e o modo de reprodução da espécie. Em 2009, KRIEDT trabalhou no desenvolvimento de marcadores microssatélites em *Passiflora ovalis*. PEREIRA (2010) utilizou marcadores microssatélites, M-AFLP e SNP visando à integração de mapas genético-moleculares em *P. alata*. FERREIRA et al. (2010) caracterizaram aspectos do sistema reprodutivo da mesma espécie usando RAPD e microssatélites. Em 2011, REIS et al. estimaram a variabilidade genética em dois ciclos de seleção recorrente do maracujazeiro-amarelo (*P. edulis*) e avaliaram o impacto da seleção nas progênies selecionadas via alterações nas frequências alélicas, detectadas com uso de marcadores microssatélites. Em *Passiflora contracta*, CAZÉ et al. (2012) desenvolveram uma biblioteca de microssatélites para estudos mais detalhados da estrutura genética da espécie, para contribuir em estudos de genética populacional. Em 2012, ORTIZ et al. avaliaram a variação intraespecífica do DNA de acessos de *P. edulis* usando marcadores AFLPs e SSR. CASTRO (2012) realizou um trabalho usando marcadores microssatélites para monitorar possíveis perdas de alelos e variações da frequência no ciclo de regeneração do germoplasma em espécies de *Passiflora*. Mais tarde, em 2013, PEREIRA et al., trabalharam para construir e integrar o mapa genético da espécie *P. alata* utilizando marcadores moleculares AFLP, microssatélites-AFLP, SSR, RGA e TRAP. Em um dos últimos trabalhos publicados sobre o assunto, CERQUEIRA-SILVA et al. (2014) desenvolveram os primeiros microssatélites para *Passiflora*

setacea e caracterizaram novos marcadores para *P. edulis* e *Passiflora cincinnata*, apresentando 42 novos microssatélites polimórficos para as três espécies.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABDELKRIM, J.; ROBERTSON, B. C.; STANTON, J.; GEMMELL, N. Fast, cost-effective development of species-specific microsatellite markers by genomic sequencing. **BioTechniques**, v. 46, n. 3, p. 185–92, 2009.

AKAMINE, E. K.; GIROLAMI, G. Pollination and fruit set in the yellow passion fruit. **Hawaii Agricultural Experiment Station. Technical Bulletin**, v. 39, p. 44, 1959.

BERNACCI, L. C.; SOARES-SCOTT, M. D.; JUNQUEIRA, N. T. V.; JUNQUEIRA, N. T. V.; PASSOS, I. R. S.; MELETTI, L. M. M. *Passiflora edulis* Sims: the correct taxonomic way to cite the yellow passion fruit (and other colors). **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 30, n. 2, p. 566–576, 2008.

BOT. MAG. Self-incompatibility in passion fruit: evidence of gametophytic-sporophytic control. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 106, p. 298–302, 2003.

BRONDANI, R. P. V. BRONDANI, C.; TARCHINI, R.; GRATTAPAGLIA, D. Development, characterization and mapping of microsatellite markers in *Eucalyptus grandis* and *E. urophylla*. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 97, n. 5–6, p. 816–827, 1998.

BRONDANI, R. P. V.; BRONDANI, C.; GRATTAPAGLIA, D. Towards a genus-wide reference linkage map for *Eucalyptus* based exclusively on highly informative microsatellite markers. **Molecular Genetics and Genomics**, v. 267, n. 3, p. 338–47, 2002.

BRUCKNER, C. H.; CASALI, V. W. D.; MORAES, C. F.; REGAZZI, A. J.; SILVA, E. A. M. Self-incompatibility in passion fruit (*Passiflora edulis* Sims). **Acta**

Horticulturae, n. 370, p. 45–57, 1995.

BRUCKNER, C. H. Perspectivas do melhoramento genético do maracujazeiro. In: ABEL, R. S. et al. (Eds.). **Melhoramento, morte prematura, polinização, taxonomia**. Porto Alegre: Cinco Continentes, 1997. p. 70.

BRUNEL, D. A microsatellite marker in *Helianthus annuus* L. **Plant Molecular Biology**, v. 24, p. 397–400, 1994.

CAIXETA, E. T.; OLIVEIRA, A.C.B.; BRITO, G. G.; SAKIYAMA, N. S. Tipos de marcadores moleculares. In: BORÉM, A.; CAIXETA, E. T. (Eds.). **Marcadores moleculares**. Viçosa, MG: Jard, 2006. p. 374.

CARVALHO, M. C.; SILVA, D. Sequenciamento de DNA de nova geração e suas aplicações na genômica de plantas. **Ciência Rural**, v. 3, p. 735–744, 2010.

CASTOE, T. A.; POOLE, A. W.; KONING, A. P. J.; JONES, K.; TOMBACK, D. F.; OYLER-MCCANCE, S. J.; FIKE, J. A.; LANCE, S. L.; STREICHER, J. W.; SMITH, E. N.; POLLOCK, D. D. Rapid identification of thousands of copperhead snake (*Agkistrodon contortrix*) microsatellite loci from modest amounts of 454 shotgun genome sequence. **Molecular Ecology Resources**, v. 10, n. 2, p. 341–7, 2010.

CASTRO, J. **Conservação dos recursos genéticos de Passiflora e seleção de descritores mínimos para caracterização de maracujazeiro**. Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, 2012.

CAZÉ, A. L. R.; KRIEDT, R. A.; BEHEREGARAY, L. B.; BONATTO, S. L.; FREITAS, L. B. Isolation and Characterization of Microsatellite Markers for *Passiflora contracta*. **International Journal of Molecular Science**, v. 13, n. 9, p. 11343–8, 2012.

CERQUEIRA-SILVA, C. B.; SANTOS, E. S. L.; SOUZA, A. M.; MORI, G. M.; OLIVEIRA, E. J.; CORRÊA, R. X.; SOUZA, A. P. Development and characterization

of microsatellite markers for the wild South American *Passiflora cincinnata* (Passifloraceae). **American Journal of Botany**, v. 99, n. 4, p. e170-2, 2012.

CERQUEIRA-SILVA, C. B.; JESUS, O. N.; SANTOS, E. S. L.; CORRÊA, R. X.; SOUZA, A. P. Genetic Breeding and Diversity of the Genus *Passiflora*: Progress and Perspectives in Molecular and Genetic Studies. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 15, n. 8, p. 14122–14152, 2014a.

CERQUEIRA-SILVA, C. B.; SANTOS, E. S. L.; VIEIRA, J. G. P.; MORI, G. M.; JESUS, O. N.; CORRÊA, R. X.; SOUZA, A. P. New Microsatellite Markers for Wild and Commercial Species of *Passiflora* (Passifloraceae) and Cross-Amplification. **Applications in Plant Sciences**, v. 2, n. 2, p. 1300061, 2014b.

CERVI, A. C. Passifloraceae do Brasil. Estudo do gênero *Passiflora* L., subgênero *Passiflora*. **Fontqueria**, v. 45, p. 1–92, 1997.

CHANG, C. C. Studies on unfruitfulness of the yellow passion fruits growing in Taiwan. **Taiwan Agriculture Quarterly**, v. 10, n. 2, p. 78–89, 1974.

CHANG, C. C. Breeding of passion fruit. **Plant Breeding Abstracts**, v. 51, n. 6, p. 480, 1981.

CHEN, X.; TEMNYKH, S.; XU, Y.; CHO, Y. G.; MCCOUCH, S. R. Development of a microsatellite framework map providing genome-wide coverage in rice (*Oryza sativa* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 95, n. 4, p. 553–567, 1997.

COLLEVATTI, R. G.; BRONDANI, R. V.; GRATTAPAGLIA, D. Development and characterization of microsatellite markers for genetic analysis of a Brazilian endangered tree species *Caryocar brasiliense*. **Heredity**, v. 83, p. 748–56, 1999.

CROCHEMORE, M. L.; MOLINARI, H. B. C.; VIEIRA, L. G. E. Genetic Diversity in Passion Fruit (*Passiflora* spp.) Evaluated by RAPD Markers. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, v. 46, n. 4, p. 521–527, 2003.

CUNHA, M. A. P. **Prioridades de pesquisa por subárea e objetivo.** Reunião técnica de pesquisa em maracujazeiro no Brasil. Cruz das Almas: EMBRAPA-CNPMPF. Anais...Cruz das Almas, BA: EMBRAPA/CNPMPF. Documentos 77, 1997

FAJARDO, D.; ANGEL, F.; GRUM, M.; TOHME, J.; LOBO, M.; ROCA, W. M. Genetic variation analysis of the genus *Passiflora* L. using RAPD markers. **Euphytica**, v. 101, p. 341–347, 1998.

FALEIRO, F. G. JUNQUEIRA, N. T. V.; BRAGA, M. F.; PEIXOTO, J. R. Caracterização de germoplasma e melhoramento genético do maracujazeiro assistidos por marcadores moleculares: resultados de pesquisa 2005-2008. **Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento**, N^o207, p. 59, 2008.

FALEIRO, F. G. JUNQUEIRA, N. T. V.; JESUS, O. N.; COSTA, A. M. **Avances y perspectivas del fitomejoramiento de las pasifloráceas en Brasil.** Congreso Latinoamericano de Passifloras 2. Anais...Neiva: Corporación Cepass Colombia, 2013.

FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N. T. V. Passion fruit (*Passiflora* spp.) improvement using wild species. In: MARIANTE, A. S.; SAMPAIO, M. J. S.; INGLIS, M. C. (Eds.). **The state of Brazil's plant genetic resources. Second national report. Conservation and sustainable utilization for food and agriculture.** p. 101–106.

FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N. T. V. Recursos genéticos: conservação, caracterização e uso. In: FALEIRO, F. G.; ANDRADE, S. R. M.; REIS JÚNIOR, F. B. (Eds.). **Biotechnologia: estado da arte e aplicações na agropecuária.** Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2011. p. 513–551.

FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N. T. V.; COSTA, A. M. **Ações de Pesquisa e Desenvolvimento para o Uso Diversificado de Espécies Comerciais e Silvestres de Maracujá (*Passiflora* spp.).** Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2015.

FAO. **Intergovernmental Group on Bananas and Tropical Fruits.** Committee on Commodity Problems, Fifth Session. **Anais...**Yaoundé, Cameroon: 2011. Disponível

em: <<http://www.fao.org/docrep/meeting/022/am481t.pdf>>

FERREIRA, F. R. Germoplasma de Passiflora no Brasil. In: **Maracujá: produção e mercado**. Vitória da Conquista: Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. São Jose, ed. São Jose. 1991. p. 24–26.

FERREIRA, M. E.; FALEIRO, F. G. Biotecnologia: avanços e aplicações no melhoramento genético vegetal. In: FALEIRO, F. G.; FARIAS NETO, A. L. (Eds.). **Savanas: desafios e estratégias para o equilíbrio entre sociedade, agronegócio e recursos naturais**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2008. p. 765–792.

FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 3^o ed. Brasília, DF: EMBRAPA-CENARGEN, 1998.

FERREIRA, T. G. T. PENHA, H. A.; ZUCCHI, M. I.; SANTOS, A. A.; HANAI, L. R.; JUNQUEIRA, N.; BRAGA, M. F.; VENCOSKY, R.; VIEIRA, M. L. C. Outcrossing rate in sweet passion fruit based on molecular markers. **Plant Breeding**, v. 129, n. 6, p. 727–730, 2010.

FEUILLET, C. Passifloraceae (passion flower family). In: SMITH, N.; MORI, S. A.; HENDERSON, A.; STEVENSON, D. W.; HELD, S. V. (Eds.). **Flowering Plants on the Neotropics**. New York: Princeton University Press, 2004. p. 286–287.

FIELD, D.; WILLS, C. Long, polymorphic microsatellites in simple organisms. **Proceedings. Biological sciences / The Royal Society**, v. 263, n. 1367, p. 209–15, 1996.

FONSECA, G. K.; FALEIRO, F. G.; PEIXOTO, J. R.; JUNQUEIRA, N. T. V.; SILVA, M. S.; BELLON, G.; JUNQUEIRA, K. P.; VAZ, C. F. Análise da recuperação do genitor recorrente em maracujazeiro-azedo por meio de marcadores RAPD. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 31, n. 1, p. 145–153, 2009.

GRODZICKER, T.; WILLIAMS, J.; SHARP, P.; SAMBROOK, J. Physical mapping

of temperature-sensitive mutations of adenoviruses. **Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology**, v. 39, p. 439–446, 1974.

HAMWIEH, A.; UDUPA, S. M.; CHOUMANE, W.; SARKER, A.; DREYER, F.; JUNG, C.; BAUM, M. A genetic linkage map of *Lens* sp. based on microsatellite and AFLP markers and the localization of fusarium vascular wilt resistance. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 110, n. 4, p. 669–77, 2005.

HU, J.; VICK, B. A. Target Region Amplification Polymorphism: A Novel Marker Technique for Plant Genotyping. **Plant Molecular Biology Reporter**, v. 21, p. 289–294, 2003.

IBGE. **Séries históricas e estatísticas: lavoura permanente – quantidade produzida**. Disponível em:

<<http://www.sidra.ibge.gov.br/bda/tabela/protabl.asp?c=1613&z=p&o=30&i=P>>.

Acesso em: 28 nov. 2016.

ISHIHATA, K. Studies on the morphology of flowering organs and the fruit bearing in purple passion fruit, *Passiflora edulis* Sims. **Bulletin of the Faculty of Agriculture-Kagoshima University**, v. 31, p. 7–11, 1981.

JUNQUEIRA, N. T. V.; ANJOS, J. R. N.; SHARMA, R. D.; SANZONWICZ, C.; ANDRADE, J. R. M. **Doenças do Maracujazeiro**. III Encontro de Fitopatologia: Doenças de fruteiras tropicais. **Anais...Viçosa**: 1999.

JUNQUEIRA, N. T. V.; BRAGA, M. F.; FALEIRO, F. G.; PEIXOTO, J. R.; BERNACCI, J. C. Potencial de espécies silvestres de maracujazeiro como fonte de resistência a doenças. In: FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N. T. V.; BRAGA, M. F. (Eds.). **Maracujá: germoplasma e melhoramento genético**. Embrapa Cerrados, 2005. p. 81–108.

KOTZAMANIDIS, S.; IPSILANDIS, C.; MAVROMATIS, A.; KORKOVELOS, A.; LITHOURGIDIS, A.; IRAKLI, M. Prediction of pedigree relationships in durum wheat varieties based on agronomic, morphological and molecular traits. **Australian**

Journal of Crop Science, v. 5, n. 7, p. 809–814, 2011.

KRIEDT, R. **Isolamento de marcadores microssatélites para *Petunia integrifolia* subsp. *depauperata* (Solanaceae) e *Passiflora ovalis* (Passifloraceae)**. Universidade Federal do Rio Grande do Sul, 2009.

LESPINASSE, D. RODIER-GOUD, M.; GRIVET, L.; LECONTE, G. A.; LEGNATE, H.; SEGUIN, M. A. saturated genetic linkage map of rubber tree (*Hevea* spp.) based on RFLP, AFLP, microsatellite, and isozyme markers. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 100, p. 127–138, 2000.

LIMA, A. DE A.; BORGES, A. L. Solo e clima. In: LIMA, A. DE A. (Ed.). **Maracujá: produção, aspectos técnicos**. Brasília: Embrapa-SPI, 2002. p. 25–28.

LITT, M.; LUTY, J. A. A Hypervariable Microsatellite Revealed by In Vitro Amplification of a Dinucleotide Repeat within the Cardiac Muscle Actin Gene. **American Journal of Human Genetics**, v. 44, p. 397–401, 1989.

LÓPEZ, C. E.; ACOSTA, I. F.; JARA, C.; PREZADA, F.; GAITÁN-SOLÍS, E.; GALLEGO, G.; BEEBE, S.; TOHME, J. Identifying resistance gene analogs associated with resistances to different pathogens in common bean. **Phytopathology**, v. 93, n. 1, p. 88–95, 2003.

MACDOUGAL, J.; FEUILLET, C. Systematics. In: ULMER, T.; MACDOUGAL, J. (Eds.). **Passiflora: Passionflowers of the World**. Portland, OR, USA: Timber Press, 2004. p. 27–31.

MASON, S. L.; STEVENS, M. R.; JELLEN, E. N.; BONAFACIO, A.; FAIRBANKS, D. J.; COLEMAN, C. E.; MCCARTY, R. R.; RASMUSSEN, A. G.; MAUGHAN, P. J. Development and use of microsatellite markers for germplasm characterization in quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). **Crop Science**, v. 45, n. 4, p. 1618–1630, 2005.

MELETTI, L. M. M. Maracujá-roxo. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 27, n. 2,

p. 194–348, 1999.

MELETTI, L. M. M.; SOARES-SCOTT, M. D.; BERNACCI, L. C.; PASSOS, I. R. S. Melhoramento genético do maracujá: passado e futuro. In: FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N. T. V.; BRAGA, M. F. (Eds.). **Maracujá: germoplasma e melhoramento genético**. Planaltina, DF. p. 55–78.

MELETTI, L. M. M. Avanços na cultura do maracujá no Brasil. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 33, p. 83–91, 2011.

MORGANTE, M.; OLIVIERI, A. M. PCR-amplified microsatellites as markers in plant genetics. **The Plant Journal**, v. 3, n. 1, p. 175–82, 1993.

MOTILAL, L. A.; LAMBERT, A.; ZHANG, D.; UMAHARAN, P.; MISCHKE, S.; PINNEY, S.; MEINHARDT, L. W. Microsatellite fingerprinting in the International Cocoa Genebank, Trinidad: accession and plot homogeneity information for germplasm management. **Plant Genetic Resources**, v. 9, n. 3, p. 430–438, 2011.

OCAMPO, J.; D'EECKENBRUGGE, G.; JARVIS, A. Distribution of the genus *Passiflora* L. diversity in Colombia and its potential as an indicator for biodiversity management on the coffee growing zone. **Diversity**, v. 2, p. 1158–1180, 2010.

OLIVEIRA, E. J.; PÁDUA, J. G.; ZUCCHI, M. I.; CAMARGO, L. E. A.; FUNGARO, M. H. P.; VIEIRA, M. L. C. Development and characterization of microsatellite markers from the yellow passion fruit (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*). **Molecular Ecology Notes**, v. 5, n. 2, p. 331–333, 2005.

OLIVEIRA, E. J. **Desenvolvimento e uso de marcadores microssatélites para construção e integração de mapas genéticos de maracujá-amarelo (*Passiflora edulis* Sims f. *flavicarpa* Deg.)**. Universidade de São Paulo, 2006.

ORTIZ, D. C.; BOHÓRQUEZ, A.; DUQUE, M. C.; TOHME, J.; CUÉLLAR, D.; MOSQUERA, T. Evaluating purple passion fruit (*Passiflora edulis* Sims f. *edulis*) genetic variability in individuals from commercial plantations in Colombia. **Genetic**

Resources and Crop Evolution, v. 59, n. 6, p. 1089–1099, 2012.

PADUA, J. G.; OLIVEIRA, E. J.; ZUCCHI, M. I.; OLIVEIRA, G. C. X.; CAMARGO, L. E. A.; VIEIRA, M. L. C. Isolation and characterization of microsatellite markers from the sweet passion fruit (*Passiflora alata* Curtis: Passifloraceae). **Molecular Ecology Notes**, v. 5, n. 4, p. 863–865, 2005.

PENHA, H. A.; PEREIRA, G. S.; ZUCCHI, M. I.; DINIZ, A. L.; VIEIRA, M. L. C. Development of microsatellite markers in sweet passion fruit, and identification of length and conformation polymorphisms within repeat sequences. **Plant Breeding**, v. 132, n. 6, p. 731–735, 2013.

PEREIRA, G. S. **Desenvolvimento de marcadores SSR , M-AFLP e SNP visando à integração de mapas genético-moleculares de *Passiflora alata* Curtis**. Universidade de São Paulo, 2010.

PEREIRA, G. S.; NUNES, E. S.; LAPERUTA, L. D. C.; BRAGA, M. F.; PENHA, H. A.; DINIZ, A. L. MUNHOZ, C. F.; CAZAFFI, R.; GARCIA, A. A. F.; VIEIRA, M. L. C. Molecular polymorphism and linkage analysis in sweet passion fruit, an outcrossing species. **Annals of Applied Biology**, v. 162, n. 3, p. 347–361, 2013.

PFLIEGER, S.; PALLOIX, A.; CARANTA, C.; BLATTES, A.; LEFEBVRE, V. Defense response genes co-localize with quantitative disease resistance loci in pepper. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 103, n. 6–7, p. 920–929, 2001.

PRIOLLI, R. H. G.; MENDES-JUNIOR, C. T.; SOUSA, S. M. B.; SOUSA, N. E. A.; CONTEL, E. P. B. Diversidade genética da soja entre períodos e entre programas de melhoramento no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 39, n. 10, p. 967–975, 2004.

PUGH, T.; FOUET, O.; RISTERUCCI, A. M.; BROTTIER, P.; ABOULADZE, M.; DELETREZ, C.; COURTOIS, B.; CLEMENT, D.; LARMANDE, P.; N'GORAN, J. A. K.; LANAUD, C. A new cacao linkage map based on codominant markers: development and integration of 201 new microsatellite markers. **Theoretical and**

Applied Genetics, v. 108, n. 6, p. 1151–61, 2004.

QUELLER, D. C.; STRASSMANN, J. E.; HUGHES, C. R. Microsatellites and Kinship. **Trends in Ecology and Evolution**, v. 8, n. 8, p. 285–288, 1993.

RALLO, P.; DORADO, G.; MARTIN, A. Development of simple sequence repeats (SSRs) in olive tree (*Olea europaea* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 101, p. 984–989, 2000.

RÊGO, M. M. DO. **Genética, interação pólen-pistilo e expressão de proteínas na auto-incompatibilidade do maracujazeiro (*Passiflora edulis* Sims)**. Universidade Federal de Viçosa, 1997.

REIS, R. V.; OLIVEIRA, E. J.; VIANA, A. P.; PEREIRA, T. N. S.; PEREIRA, M. G.; SILVA, M. G. M. Diversidade genética em seleção recorrente de maracujazeiro - amarelo detectada por marcadores microssatélites. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, n. 1, p. 51–57, 2011.

RUDD, S.; SCHOOF, H.; MAYER, K. PlantMarkers--a database of predicted molecular markers from plants. **Nucleic Acids Research**, v. 33, p. 628–632, 2005.

SÁNCHEZ, I.; ANGEL, F.; GRUM, M.; DUQUE, M.; LOBO, M.; TOHME, J.; ROCA, W. Variability of chloroplast DNA in the genus *Passiflora* L. **Euphytica**, v. 106, p. 15–26, 1999.

SANTOS, L. F.; OLIVEIRA, E. J.; SILVA, A. S.; CARVALHO, F. M.; COSTA, J. L.; PÁDUA, J. G. ISSR markers as a tool for the assessment of genetic diversity in *Passiflora*. **Biochemical Genetics**, v. 49, n. 7–8, p. 540–54, 2011.

SEGURA, S.; LOPEZ, L.; GRUM, M.; GUARINO, L. Mapping the potential distribution of five species of *Passiflora* in Andean. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 50, p. 555–566, 2003.

SEGURA, S. D.; COPPENS, G.; OCAMPO, H. Isozyme variation in *Passiflora*

subgenera Tacsonia and Manicata. Relationships between cultivated and wild species. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 50, p. 417–427, 2002.

SILVA, P. I.; MARTINS, A. M.; GOUVEA, E. G.; PESSOA-FILHO, M.; FERREIRA, M. E. Development and validation of microsatellite markers for *Brachiaria ruziziensis* obtained by partial genome assembly of Illumina single-end reads. **BMC Genomics**, v. 14, n. 1, p. 17, 2013.

SOUZA, J.; MELETTI, L. **Maracujá: Espécies, Variedades, Cultivo**. Piracicaba, Brasil: Fealq, 1997.

SOUZA, M. M.; PALOMINO, G.; PEREIRA, T. N. S.; PEREIRA, M. G.; VIANA, A. P. Flow cytometric analysis of genome size variation in some *Passiflora* species. **Hereditas**, v. 141, p. 31–38, 2004.

TEMNYKH, S.; PARK, W. D.; AYRES, N.; CARTINHO, S.; HAUCK, N.; LIPOVICH, L.; CHO, Y. G.; ISHII, T.; MCCOUCH, S. R. Mapping and genome organization of microsatellite sequences in rice (*Oryza sativa* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 100, n. 5, p. 697–712, 2000.

VALLAD, G.; RIVKIN, M.; VALLEJOS, C.; MCCLEAN, P. Cloning and homology modelling of a Pto-like protein kinase family of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 103, n. 6–7, p. 1046–1058, 2001.

VAN DER LINDEN, C. G.; WOUTERS, D. C. A. E.; MHALKA, V.; KOCHIEVA, E. Z.; SMULDERS, M. J. M.; VOSMAN, B. Efficient targeting of plant disease resistance loci using NBS profiling. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 109, n. 2, p. 384–93, 2004.

VANDERPLANK, J. **Passion flowers**. Massachusetts: MIT Press, 1996. p. 224.

VIANA, A. P.; PEREIRA, T. N. S.; PEREIRA, M. G.; SOUSA, M. M.; MALDONADO, J. F. M.; JUNIOR, A. T. A. Diversidade genética entre genótipos comerciais de maracujazeiro-amarelo (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*) e entre espécies

de Passifloras nativas determinada por marcadores RAPD. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 25, n. 3, p. 489–493, 2003.

VIEIRA, M. L. C.; CARNEIRO, M. C. **Passifloraceae**. In: LITZ, R. (Ed.). *Biotechnology of fruit and nut crops*. Oxford, 2004. p. 436–453.

VOS, P.; HOGERS, R.; BLEEKER, M.; REIJANS, M.; LEE, T. V.; FRIJTERS, A.; POT, J.; PELEMAN, J.; KUIPER, M.; ZABEAU, M.; KEYGENE, N. V.; BOX, P. O. AFLP : a new technique for DNA fingerprinting. **Nucleic Acids Research** v. 23, n. 21, p. 4407–4414, 1995.

WEISSENBACH, J.; GYAPAY, G.; DIB, C.; VIGNAL, A.; MORISSETTE, J.; MILLASSEAU, P.; VAYSSEIX, G.; LATHROP, M. A second-generation linkage map of the human genome. **Nature**, v. 359, p. 794–801, 1992.

WELSH, J.; MCCLELLAND, M. Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers. **Nucleic Acids Research**, v. 18, n. 24, p. 7213–7218, 1990.

ZANE, L.; BARGELLONI, L.; PATARNELLO, T. Strategies for microsatellite isolation: a review. **Molecular Ecology**, v. 11, p. 1–16, 2002.

ZHU, H.; SENALIK, D.; MCCOWN, B. H.; ZELDIN, E. L.; HYMAN, J.; BASSIL, N.; HUMMER, K.; SIMON, P. W.; ZALAPA, J. E. Mining and validation of pyrosequenced simple sequence repeats (SSRs) from American cranberry (*Vaccinium macrocarpon* Ait.). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 124, n. 1, p. 87–96, 2012.

**CAPÍTULO 1. DESENVOLVIMENTO DE MARCADORES
MICROSSATÉLITES POR MEIO DO SEQUENCIAMENTO PARCIAL DO
GENOMA DE MARACUJÁ-AZEDO (*Passiflora edulis* Sims) E
TRANSFERIBILIDADE PARA 78 ESPÉCIES DO GÊNERO *Passiflora***

**CHAPTER 1. MICROSATELLITE MARKER DEVELOPMENT
BY PARTIAL SEQUENCING OF THE SOUR PASSION FRUIT GENOME
(*Passiflora edulis* Sims) AND TRANSFERABILITY TO 78 SPECIES OF THE
Passiflora GENUS**

RESUMO

O gênero *Passiflora* compreende centenas de espécies silvestres e cultivadas de maracujazeiro utilizadas na alimentação, na indústria, na medicina e também utilizadas como plantas ornamentais. Esforços para desenvolver ferramentas de análise genética em *P. edulis*, a espécie mais importante do gênero *Passiflora*, ainda são incipientes. Marcadores microssatélites em *P. edulis* são, geralmente, limitados em número, apresentando reduzido polimorfismo, onde a maioria está baseada em repetições nucleotídicas compostas ou imperfeitas. Além disso, marcadores microssatélites foram desenvolvidos apenas para algumas espécies de *Passiflora*. Nessa pesquisa, é descrito o uso do sequenciamento de nova geração (NGS) para a montagem parcial do genoma de *P. edulis* com o intuito de desenvolver novos marcadores microssatélites. Um total de 14,11 Gpb de *reads* de sequências *paired-end* de Illumina foram analisadas para detectar sequências simples repetidas (SSR) que foram selecionadas para o desenvolvimento de combinações de *primers* para PCR. Os painéis para os marcadores di e tri-nucleotídeos foram testados em acessos do germoplasma de *P. edulis* para a sua validação. Polimorfismo foi detectado em 74% dos marcadores (PIC = 0,16-0,77; número de alelos/loco = 2-7). Os marcadores mais polimórficos (PIC = 0,46-0,77) foram usados em análises de transferibilidade em 78 espécies de *Passiflora*, pertencentes a quatro subgêneros (*Astrophea*, *Decaloba*, *Distephana* e *Passiflora*). Aproximadamente 71% da combinação marcador/espécie foi positiva para a amplificação em todas as espécies testadas. Polimorfismo foi detectado nos acessos de seis espécies de *Passiflora* relacionadas entre si (*P. edulis*, *P. alata*, *P. maliformis*, *P. nitida*, *P. quadrangularis* e *P. setacea*), e os dados foram usados para a diferenciação entre acessos e espécies. O novo conjunto de marcadores microssatélites está pronto para seu uso em análises de polimorfismo de *P. edulis* e em outras espécies da família *Passifloraceae*.

Palavras-chave: *Passiflora edulis*, montagem do genoma *de novo*, microssatélites

ABSTRACT

The *Passiflora* genus comprises hundreds of wild and cultivated species of passion fruit used for food, industrial, ornamental and medicinal purposes. Efforts to develop genomic tools for genetic analysis of *P. edulis*, the most important commercial *Passiflora* species, are still incipient. Microsatellite markers in *P. edulis* are usually limited in number, show reduced polymorphism, and are mostly based on compound or imperfect repeats. Furthermore, microsatellite markers are confined to only a few *Passiflora* species. We describe the use of NGS technology to partially assemble the *P. edulis* genome in order to develop new microsatellite markers. A total of 14.11 Gbp of Illumina paired-end sequence reads were analyzed to detect simple sequence repeat sites in the sour passion fruit genome. A sample of 1,300 contigs containing perfect repeat microsatellite sequences was selected for PCR primer development. A panel of di- and tri-nucleotide repeat markers were then tested in *P. edulis* germplasm accessions for validation. DNA polymorphism was detected in 74% of the markers (PIC= 0.16 to 0.77; number of alleles/locus= 2 to 7). A core panel of highly polymorphic markers (PIC= 0.46 to 0.77) was used to cross-amplify PCR products in 78 species of *Passiflora*, belonging to four subgenera (*Astrophea*, *Decaloba*, *Distephana* and *Passiflora*). Approximately 71% of the marker/species combinations resulted in positive amplicons in all species tested. DNA polymorphism was detected in germplasm accessions of six closely related *Passiflora* species (*P. edulis*, *P. alata*, *P. maliformis*, *P. nitida*, *P. quadrangularis* and *P. setacea*) and the data used for accession discrimination and species assignment. The new set of microsatellite markers can be readily used for DNA polymorphism analysis of *P. edulis* and other *Passifloraceae*.

Key words: *Passiflora edulis*, *de novo* genome assembly, microsatellites

INTRUDUÇÃO

O gênero *Passiflora* apresenta ampla variabilidade com aproximadamente 500 espécies distribuídas, predominantemente, nas regiões tropicais da América, sendo também encontrados exemplares na Ásia e na África (MACDOUGAL; FEUILLET, 2004). Apesar da incerteza taxonômica, aproximadamente 96% das espécies de *Passiflora* são encontradas na América do Sul e Centro-América (CERQUEIRA-SILVA et al., 2014a). Os maiores centros de diversidade são o Brasil e a Colômbia (FERREIRA; OLIVEIRA, 1991; OCAMPO; D'EECKENBRUGGE; JARVIS, 2010), onde centenas de espécies tem sido catalogadas. Apesar do grande número de espécies, somente algumas são usadas comercialmente, principalmente para a produção de frutos para o mercado *in natura* ou na produção do suco, e de folhas para a produção de fitoterápicos.

O maracujazeiro-azedo (*P. edulis*) é a espécie comercial mais importante dentro das espécies de *Passiflora* a nível mundial. É uma espécie alógama que apresenta variabilidade na forma, cor e morfologia de frutos, flores e plantas. A variabilidade genética em *P. edulis* tem sido estimada por descritores morfológicos (CROCHEMORE; MOLINARI; STENZEL, 2003; PLOTZE et al., 2005; VIANA et al., 2010) e características agrônômicas (ABREU et al., 2009; CERQUEIRA-SILVA et al., 2008; MELETTI; SOARES-SCOTT; BERNACCI, 2005). A detecção de polimorfismo do DNA em *P. edulis* tem sido estudada com diferentes tipos de marcadores moleculares, como ISSR (SANTOS et al., 2011), RAPD (BELLON et al., 2007; CROCHEMORE; MOLINARI; VIEIRA, 2003; FAJARDO et al., 1998), AFLP (ORTIZ et al., 2012; SEGURA et al., 2002) e microsatélites (CERQUEIRA-SILVA et al., 2014b; OLIVEIRA et al., 2005). Altos níveis de variabilidade genética têm sido relatados em avaliações morfológicas e agrônômicas, como também na maioria dos sistemas de marcadores. No entanto, o uso de marcadores microsatélites em análises genéticas de *P. edulis* tem apresentado baixo nível de polimorfismo (CERQUEIRA-SILVA et al., 2012, 2014b; OLIVEIRA et al., 2005; ORTIZ et al., 2012), o que é contraditório, considerando que a espécie apresenta ampla diversidade.

As vantagens dos marcadores microsatélites quando comparados com outras tecnologias são a alta reprodutibilidade, codominância, alto conteúdo de informação polimórfica (PIC) e alelismo múltiplo (BRONDANI et al., 1998; LITT; LUTY, 1989; POWELL et al., 1996). Menos de 200 marcadores microsatélites foram

desenvolvidos para *P. edulis* (CERQUEIRA-SILVA et al., 2014b; OLIVEIRA, 2006; OLIVEIRA et al., 2005), mas somente uma pequena fração deles foi validada e usada em estudos genéticos (OLIVEIRA, 2006; OLIVEIRA et al., 2013; ORTIZ et al., 2012; REIS et al., 2011). Os poucos marcadores microssatélites polimórficos em *P. edulis* estão baseados, principalmente, em repetições nucleotídicas imperfeitas e compostas, o que dificulta a interpretação da genotipagem de rotina devido às dificuldades da binagem dos alelos (DOMANIÇ, 2007; PREPARATA, 2007; LIM et al., 2013). Isso poderia ser uma limitação para algumas aplicações, especialmente para estudos genéticos populacionais (GOLDSTEIN; CLARK, 1995; MA; RÖDER; SORRELLS, 1996). Microssatélites perfeitos (com repetições nucleotídicas perfeitas, sem interrupção ou variação) são mais adequados, mas eles estão disponíveis em uma pequena fração (aproximadamente 10%) do total dos marcadores disponíveis para *P. edulis* (CERQUEIRA-SILVA et al., 2014b; OLIVEIRA, 2006; OLIVEIRA et al., 2005). O uso de marcadores microssatélites em *Passiflora* tem sido limitado a poucas espécies, tais como *P. edulis* (OLIVEIRA, 2006; OLIVEIRA et al., 2005), *P. alata* (PADUA et al., 2005; PENHA et al., 2013), *P. cincinnata* (CERQUEIRA-SILVA et al., 2012, 2014b), *P. setacea* (CERQUEIRA-SILVA et al., 2014b), e *P. contracta* (CAZÉ et al., 2012). Isso representa uma pequena porção (aproximadamente 1%) das espécies conhecidas de *Passiflora*. Restrições semelhantes à disponibilidade e utilização de marcadores microssatélite também tem sido observadas em outras espécies de *Passiflora*.

Desenvolvimento de marcadores microssatélites em *Passiflora* tem sido baseado na construção de bibliotecas genômicas enriquecidas para sequências simples repetidas (CAZÉ et al., 2012; CERQUEIRA-SILVA et al., 2012, 2014b; OLIVEIRA, 2006; OLIVEIRA et al., 2005; PADUA et al., 2005; PENHA et al., 2013). Esta é uma técnica eficaz, mas requer muito tempo e trabalho para a descoberta e desenvolvimento de marcadores microssatélites. Contudo, novas abordagens tais como o sequenciamento de nova geração (NGS) podem fornecer um grande número de sequências do genoma de alta qualidade, as que podem ser obtidas mais rapidamente e a custos reduzidos, facilitando a detecção de milhares de microssatélites no genoma de uma espécie-alvo (ABDELKRIM et al., 2009; CASTOE et al., 2010; CSENCICS; BRODBECK; HOLDEREGGER, 2010; SILVA et al., 2013).

No presente estudo, foi utilizada a técnica NGS para sequenciar o genoma de *P. edulis*. As sequências dos *contigs* que foram obtidas pela montagem parcial *de novo* do genoma foram analisadas para detectar microssatélites perfeitos. Esses dados foram utilizados no desenvolvimento e validação dos marcadores microssatélites utilizados nos acessos de *P. edulis* do Banco de Germoplasma das Passifloras 'Flor da Paixão', da Embrapa Cerrados. Marcadores foram avaliados em qualidade e polimorfismo em *P. edulis* e em cinco espécies próximas de *Passiflora*, e também para transferibilidade em 78 espécies de *Passiflora* pertencentes a quatro subgêneros (*Astrophea*, *Decaloba*, *Distephana* e *Passiflora*), que foram coletadas no Brasil.

MATERIAL E MÉTODOS

Extração de DNA e sequenciamento do genoma

Folhas frescas do acesso *Passiflora edulis* CPGA1 (matriz da cultivar de maracujazeiro-azedo BRS Gigante Amarelo - BRS GA1), foram usadas para a extração de DNA sob o protocolo CTAB (DOYLE; DOYLE, 1987), com modificações descritas por FALEIRO et al. (2003). A construção da biblioteca de fragmentos de DNA genômico e o sequenciamento massivo paralelo *pair-end* foram realizados no sequenciador Illumina GAII seguindo o protocolo Illumina.

Montagem *de novo* do genoma

A presença de sequências de DNA não nuclear e/ou exógeno na base de dados de DNA de maracujazeiro foi verificada com BLASTing para DNA de cloroplasto, mitocôndria e possíveis contaminantes (fungos, bactérias e vírus). Sequências extrínsecas foram removidas das análises. A ferramenta de correção *short-read* de SOAPdenovo (Lançamento 1.05), foi utilizada para corrigir os *reads* de Illumina GA para genomas de plantas e animais (LI et al., 2008), aplicada nos arquivos formatados de FASTQ contendo os *reads* sequenciados de DNA. A função de ajuste CLC (limite padrão=0,05) (*software* CLC Genomics Workbench v.4.1, CLC Bio, Aarhus, Dinamarca) foi usada para eliminar os adaptadores do sequenciamento Illumina e a baixa qualidade dos *reads*. Rotinas de ErrorCorrection e KmerFreq foram aplicadas com os parâmetros padrão (*seed length* = 17, *quality cutoff* = 5). Arquivos finais de FASTQ foram submetidos à montagem *de novo* utilizando o tamanho *bubble* de 50 pb

no *software* CLC Genomics Workbench (*Assembly Length Fraction*= 0,5; *Similarity*= 0,8). Parâmetros de discordância, supressão e inserção foram fixados em 2, 3 e 3, respectivamente. O tamanho k-mer da montagem CLC Bio foi fixada em 25 pb e o limite da cobertura em 10X. Durante a montagem, o parâmetro do tamanho padrão foi ajustado para 25 usando a informação de sobreposição k-mer (grafo De Bruijn) para assegurar as vias inequívocas dos *contigs* obtidos. Para as análises, foram considerados os *contigs* maiores que 160 pb. Sobreposições entre as sequências foram representadas pelo grafo de estruturas De Bruijn (ZERBINO; BIRNEY, 2008).

Identificação de microssatélites e desenvolvimento de marcadores

A montagem *de novo* do sequenciamento parcial foi utilizada para a identificação dos locos de sequências simples repetidas (SSR) no genoma de maracujazeiro-azedo utilizando o *software* PHOBOS (MAYER, 2006-2011). Foram listados e quantificados os dados de locação e número de di, tri ou tetra-nucleotídeos de SSR obtidos da montagem parcial *de novo*. Sequências repetidas localizadas em regiões de genes putativos foram identificadas com o modelo de gene versão TAIR 9 utilizando os *contigs* de *P. edulis* e comparando-os com os transcritos de *Arabidopsis thaliana* (AtGDB171). A predição *ab initio* das regiões de expressão foram realizadas utilizando o *software geneid* (GUIGÓ et al., 1992). Ambas as análises foram consideradas para a seleção dos microssatélites localizados em regiões de genes. Microssatélites localizados exclusivamente em regiões genômicas com um mínimo de 15X de cobertura foram considerados para o desenvolvimento de marcadores. Foi criada uma base de dados com as sequências simples repetidas com quatro ou mais repetições de di, tri ou tetra-nucleotídeos. Locos de microssatélites que apresentaram motivos simples repetidos em tandem (“microssatélites perfeitos”) foram listados e aqueles que foram compostos (mais de um motivo) ou com repetições imperfeitas, foram deixados à parte. O grupo de marcadores selecionados foi formado por microssatélites perfeitos com um mínimo de 3 repetições no motivo e localizados em *contigs* com um mínimo de tamanho de 2,5 Kb e cobertura média de 20X, em uma tentativa de maximizar a independência do loco e a qualidade do marcador. Finalmente, foram desenvolvidos 816 pares de *primers* de microssatélites com o *software* Primer3Plus (UNTERGASSER et al., 2007).

Testes de PCR dos marcadores microsatélites

Foram desenhados painéis multiplex para a avaliação simultânea de marcadores microsatélites mediante o *software* Multiplex Manager (HOLLELEY; GEERTS, 2009). Os testes de PCR foram realizados em um volume final de 5 µ L que continham 5 η g de DNA genômico, 1X de QIAGEN Multiplex PCR Kit Master Mix (QIAGEN), 0,5X de Q-Solution (QIAGEN), e 0,2 µ M de cada *primer*. Reações de PCR foram realizadas no termocilador Veriti™ (Applied Biosystems, USA) utilizando o seguinte programa de amplificação: 95°C por 15 minutos; 35 ciclos a 94°C por 30 segundos, 55, 57 ou 60°C por 90 segundos, e 72°C por 60 segundos; seguidos por uma extensão final a 60°C por 60 minutos. Foram adicionados 9 µ L de formamida Hi-Di™ (Applied Biosystems, USA) mais 1 µ L de ROX-labeled de tamanho padrão no produto da PCR, e então desnaturado a 94°C por 5 minutos. O produto desnaturado foi injetado no sequenciador automático ABI3730 (Applied Biosystems, USA). A chamada dos alelos segundo o tamanho, e a genotipagem foram realizadas com o *software* GeneMapper® v.4.1 (Applied Biosystems, USA). A binagem dos alelos foi realizada com o *software* Tandem (MATSCHINER; SALZBURGER, 2009). Foi utilizado o Teste Exato de Fisher para provar a associação entre o nível de polimorfismo do marcador e do tamanho da repetição (di ou tri-nucleotídeo) usando o *software* MedCalc Statistical v.12.7.7 (<http://www.medcalc.org>; 2013).

Material vegetal e descrição estatística dos marcadores microsatélites

Dez acessos de maracujazeiro-azedo (*P. edulis* Sims), mantidos no Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, foram usados para avaliar se o novo conjunto de marcadores era adequado para as análises genéticas em maracujazeiro-azedo. Os dados dos acessos de maracujazeiro utilizados no presente estudo estão descritos na Tabela 1 (linhas 1 - 10). Esses acessos representam um grupo diverso de cultivares e variedades coletadas em diferentes regiões do Brasil. A única exceção é o acesso Gulupa procedente da Colômbia. Porém, acredita-se que esse acesso foi originalmente coletado no Brasil e então introduzido na Colômbia (FONSECA-TRUJILLO et al., 2009; RENDÓN; OCAMPO; URREA, 2013) e portanto, foi utilizado nas análises. Os dez acessos de *P. edulis* foram genotipados com uma amostra aleatória de 60 marcadores microsatélites di e tri-nucleotídeos. Foram estimados o polimorfismo, o número de alelos, a heterozigosidade e o

conteúdo de informação polimórfica para os marcadores utilizando o *software* Cervus v.3.0.3 (MARSHALL et al., 1998)

Tabela 1. Acessos do germoplasma de maracujazeiro (*Passiflora* spp.) coletados em diferentes regiões do Brasil e genotipados com os novos marcadores microssatélites.

Nº	Espécie	Subgênero	Origem
1	<i>Passiflora edulis</i> Sims	<i>Passiflora</i>	Seleção Embrapa CPGA1, Distrito Federal
2	<i>Passiflora edulis</i> Sims	<i>Passiflora</i>	Seleção Embrapa CPMSC1, Paraná
3	<i>Passiflora edulis</i> Sims	<i>Passiflora</i>	Seleção Maguary, Minas Gerais
4	<i>Passiflora edulis</i> Sims	<i>Passiflora</i>	Cafuringa, Distrito Federal
5	<i>Passiflora edulis</i> Sims	<i>Passiflora</i>	Niquelândia, Goiás
6	<i>Passiflora edulis</i> Sims	<i>Passiflora</i>	Oliveira, Minas Gerais
7	<i>Passiflora edulis</i> Sims	<i>Passiflora</i>	Búzios, Rio de Janeiro
8	<i>Passiflora edulis</i> Sims	<i>Passiflora</i>	Criciúma, Santa Catarina
9	<i>Passiflora edulis</i> Sims	<i>Passiflora</i>	Jundiá, São Paulo
10	<i>Passiflora edulis</i> Sims	<i>Passiflora</i>	Gulupa, Colômbia (original do Brasil)
11	<i>Passiflora edulis</i> Sims	<i>Passiflora</i>	BRS Maracujá Jaboticaba, Distrito Federal
12	<i>Passiflora actinia</i> Hook.	<i>Passiflora</i>	Curitiba, Paraná
13	<i>Passiflora acuminata</i> DC.	<i>Passiflora</i>	Manaus, Amazonas
14	<i>Passiflora alata</i> Curtis	<i>Passiflora</i>	Monte Verde, Minas Gerais
15	<i>Passiflora alata</i> Curtis	<i>Passiflora</i>	Seleção Embrapa, Distrito Federal
16	<i>Passiflora alata</i> Curtis	<i>Passiflora</i>	Seleção Embrapa, Distrito Federal
17	<i>Passiflora alata</i> Curtis	<i>Passiflora</i>	Seleção Embrapa, Distrito Federal
18	<i>Passiflora alata</i> Curtis	<i>Passiflora</i>	Trancoso, Bahia
19	<i>Passiflora ambigua</i> Hemsl.	<i>Passiflora</i>	Confresa, Mato Grosso
20	<i>Passiflora amethystina</i> Mikan	<i>Passiflora</i>	Monte Verde, Minas Gerais
21	<i>Passiflora araujoii</i> Sacco	<i>Distephana</i>	Santarém, Pará
22	<i>Passiflora auriculata</i> Kunth	<i>Decaloba</i>	Manaus, Amazonas
23	<i>Passiflora bahiensis</i> Klotzsch	<i>Passiflora</i>	Lençóis, Bahia
24	<i>Passiflora biflora</i> Lam.	<i>Decaloba</i>	Novo Airão, Amazonas
25	<i>Passiflora boticarioana</i> Cervi	<i>Passiflora</i>	Conceição do Mato Dentro, Minas Gerais
26	<i>Passiflora caerulea</i> L.	<i>Passiflora</i>	Bento Gonçalves, Rio Grande do Sul
27	<i>Passiflora capsularis</i> L.	<i>Decaloba</i>	Planaltina, Distrito Federal
28	<i>Passiflora cerasina</i> Annonay & Feuillet	<i>Passiflora</i>	Presidente Figueiredo, Amazonas
29	<i>Passiflora cerradense</i> Sacco	<i>Astrophea</i>	Planaltina, Distrito Federal

Nº	Espécie	Subgênero	Origem
30	<i>Passiflora cervii</i> Milward-de-Azevedo	<i>Decaloba</i>	Caeté, Minas Gerais
31	<i>Passiflora chlorina</i> L. K. Escobar	<i>Astrophea</i>	Caeté, Minas Gerais
32	<i>Passiflora cincinnata</i> Mast.	<i>Passiflora</i>	Rio Pardo de Minas, Minas Gerais
33	<i>Passiflora coccinea</i> Aubl.	<i>Passiflora</i>	Pontes e Lacerda, Mato Grosso
34	<i>Passiflora decaisneana</i> G. Nicholson	<i>Passiflora</i>	Planaltina, Distrito Federal
35	<i>Passiflora edmundoi</i> Sacco	<i>Passiflora</i>	Rio Pardo, Minas Gerais
36	<i>Passiflora eichleriana</i> Mast.	<i>Passiflora</i>	Criciúma, Santa Catarina
37	<i>Passiflora elegans</i> Mast.	<i>Passiflora</i>	Patos de Minas, Minas Gerais
38	<i>Passiflora ferruginea</i> Mast.	<i>Decaloba</i>	Rio Branco, Acre
39	<i>Passiflora foetida</i> L.	<i>Passiflora</i>	Belém, Pará
40	<i>Passiflora galbana</i> Mast.	<i>Passiflora</i>	Ponte Nova, Minas Gerais
41	<i>Passiflora gardneri</i> Mast.	<i>Passiflora</i>	Silvania, Goiás
42	<i>Passiflora gibertii</i> Brown	<i>Passiflora</i>	Poconé, Mato Grosso
43	<i>Passiflora glandulosa</i> Cav.	<i>Passiflora</i>	Igarapé-açú, Pará
44	<i>Passiflora haematostigma</i> Mart. ex Mast.	<i>Astrophea</i>	Natividade, Tocantins
45	<i>Passiflora hatschbachii</i> Cervi	<i>Passiflora</i>	Jaíba, Minas Gerais
46	<i>Passiflora hypoglauca</i> Harms	<i>Passiflora</i>	Ouro Preto, Minas Gerais
47	<i>Passiflora incarnata</i> L.	<i>Passiflora</i>	Centroflora, Botucatu, São Paulo
48	<i>Passiflora jilekii</i> Wawra	<i>Passiflora</i>	Manhuaçu, Minas Gerais
49	<i>Passiflora junqueirae</i> Imig & Cervi	<i>Passiflora</i>	Caparaó, Minas Gerais
50	<i>Passiflora kermesina</i> Link & Otto	<i>Passiflora</i>	São José do Laranjal, Minas Gerais
51	<i>Passiflora laurifolia</i> L.	<i>Passiflora</i>	Picos, Piauí
52	<i>Passiflora ligularis</i> Juss.	<i>Passiflora</i>	Pomar comercial
53	<i>Passiflora loefgrenii</i> Vitta	<i>Passiflora</i>	Criciúma, Santa Catarina
54	<i>Passiflora luetzelburgii</i> Harms	<i>Passiflora</i>	Rio Pardo de Minas, Minas Gerais
55	<i>Passiflora malacophylla</i> Spruce ex Mast.	<i>Passiflora</i>	Rio das Ostras, Rio de Janeiro
56	<i>Passiflora maliformis</i> L.	<i>Passiflora</i>	Seleção Embrapa, Distrito Federal
57	<i>Passiflora maliformis</i> L.	<i>Passiflora</i>	Boa Vista, Roraima
58	<i>Passiflora maliformis</i> L.	<i>Passiflora</i>	Guajará Mirim, Rondônia
59	<i>Passiflora mendoncaeii</i> Harms	<i>Passiflora</i>	Monte Verde, Minas Gerais
60	<i>Passiflora micropetala</i> Mast.	<i>Decaloba</i>	Irاندuba, Amazonas
61	<i>Passiflora miersii</i> Mast. in Mart.	<i>Passiflora</i>	Monte Verde, Minas Gerais
62	<i>Passiflora misera</i> Kunth	<i>Decaloba</i>	Trancoso, Bahia
63	<i>Passiflora morifolia</i> Mast. in Mart.	<i>Decaloba</i>	Lavras, Minas Gerais
64	<i>Passiflora mucronata</i> Lam.	<i>Passiflora</i>	Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro

Nº	Espécie	Subgênero	Origem
65	<i>Passiflora nitida</i> Kunth	<i>Passiflora</i>	Presidente Figueiredo, Amazonas
66	<i>Passiflora nitida</i> Kunth	<i>Passiflora</i>	Planaltina, Distrito Federal
67	<i>Passiflora nitida</i> Kunth	<i>Passiflora</i>	Marabá, Pará
68	<i>Passiflora odontophylla</i> Harms ex Glaz.	<i>Passiflora</i>	Caeté, Minas Gerais
69	<i>Passiflora organensis</i> Gardn.	<i>Decaloba</i>	Serra dos Órgãos, Rio de Janeiro
70	<i>Passiflora pedata</i> L.	<i>Passiflora</i>	Manaus, Amazonas
71	<i>Passiflora picturata</i> Ker	<i>Passiflora</i>	Álter do Chão, Pará
72	<i>Passiflora pohlii</i> Mast. in Mart.	<i>Decaloba</i>	Planaltina, Distrito Federal
73	<i>Passiflora porophylla</i> Vell.	<i>Decaloba</i>	Caeté, Minas Gerais
74	<i>Passiflora quadrangularis</i> L.	<i>Passiflora</i>	Silvania, Goiás
75	<i>Passiflora quadrangularis</i> L.	<i>Passiflora</i>	Pomar comercial
76	<i>Passiflora quadrifaria</i> Vanderpl.	<i>Distephana</i>	Manaus, Amazonas
77	<i>Passiflora quadriglandulosa</i> Rodschied	<i>Distephana</i>	Porto Velho, Rondônia
78	<i>Passiflora racemosa</i> Brot.	<i>Passiflora</i>	Búzios, Rio de Janeiro
79	<i>Passiflora recurva</i> Mast. in Mart.	<i>Passiflora</i>	Rio Pardo de Minas, Minas Gerais
80	<i>Passiflora rhamnifolia</i> Mast.	<i>Astrophea</i>	Caeté, Minas Gerais
81	<i>Passiflora riparia</i> Mart.	<i>Passiflora</i>	Confresa, Mato Grosso
82	<i>Passiflora rubra</i> L.	<i>Decaloba</i>	Monte Verde, Minas Gerais
83	<i>Passiflora saxicola</i> Gontsch.	<i>Decaloba</i>	Porto Seguro, Bahia
84	<i>Passiflora sclerophylla</i> Harms	<i>Astrophea</i>	Manaus, Amazonas
85	<i>Passiflora setacea</i> DC.	<i>Passiflora</i>	Tapiramutá, Bahia
86	<i>Passiflora setacea</i> DC.	<i>Passiflora</i>	Planaltina, Distrito Federal
87	<i>Passiflora setacea</i> DC.	<i>Passiflora</i>	Manhuaçu, Minas Gerais
88	<i>Passiflora setacea</i> DC.	<i>Passiflora</i>	Janaúba, Minas Gerais
89	<i>Passiflora sidaefolia</i> M. Roemer	<i>Passiflora</i>	Caparaó, Minas Gerais
90	<i>Passiflora speciosa</i> Gardn.	<i>Passiflora</i>	Manhuaçu, Minas Gerais
91	<i>Passiflora suberosa</i> L.	<i>Decaloba</i>	Macapá, Amapá
92	<i>Passiflora subrotunda</i> Mast. in Mart.	<i>Passiflora</i>	Natal, Rio Grande do Norte
93	<i>Passiflora tenuifila</i> Killip	<i>Passiflora</i>	Patos de Minas, Minas Gerais
94	<i>Passiflora tholozanii</i> Sacco	<i>Distephana</i>	Girau, Rondônia
95	<i>Passiflora tricuspis</i> Mast. in Mart.	<i>Decaloba</i>	Planaltina, Distrito Federal
96	<i>Passiflora triloba</i> Ruiz & Pav. ex DC.	<i>Passiflora</i>	Cruzeiro do Sul, Acre
97	<i>Passiflora trintae</i> Sacco	<i>Passiflora</i>	Rio Pardo, Minas Gerais
98	<i>Passiflora variolata</i> Poepp. & Endl.	<i>Distephana</i>	Manaus, Amazonas
99	<i>Passiflora vespertilio</i> L.	<i>Decaloba</i>	Manaus, Amazonas

Nº	Espécie	Subgênero	Origem
100	<i>Passiflora villosa</i> Vell.	<i>Passiflora</i>	Alto Paraíso, Goiás
101	<i>Passiflora vitifolia</i> Kunth	<i>Passiflora</i>	Poconé, Mato Grosso

Transferibilidade de marcadores microssatélites de *P. edulis*

Com o intuito de testar a transferibilidade em outras espécies de *Passiflora*, os marcadores microssatélites desenvolvidos para *P. edulis* que apresentaram PIC maior que 0,45 foram genotipados em 90 acessos pertencentes a 78 espécies de *Passiflora* (Tabela 1, filas 12 - 101), mantidos no Banco Ativo de Germoplasma de Passifloras da Embrapa Cerrados, Planaltina, DF. Essas espécies de *Passiflora* fazem parte de quatro subgêneros (*Astropheia*, *Decaloba*, *Distephana* e *Passiflora*). Os acessos foram genotipados com 18 dos marcadores polimórficos dentro do conjunto de 60 marcadores inicialmente selecionados da validação. Quando a amplificação de PCR foi exitosa, foi registrada a presença ou ausência de fragmentos amplificados se o tamanho dos alelos fora detectado no intervalo esperado.

Para a maioria das espécies de *Passiflora*, somente um acesso estava representado no Banco Ativo de Germoplasma. Para as espécies com dois ou mais acessos disponíveis, a amplificação cruzada e o polimorfismo dos marcadores foram computados (Tabela 1). A frequência observada em 27 acessos de seis espécies (*P. edulis*, *P. alata*, *P. maliformis*, *P. nitida*, *P. quadrangularis* e *P. setacea*) mais o acesso 11 (Tabela 1, BRS Maracujá Jaboticaba) foi usado para estimar a distância genética utilizando o coeficiente Band (LYNCH, 1990). BRS Maracujá Jaboticaba é uma cultivar autógama de maracujazeiro-azedo de filogenia desconhecida a que produz pequenos frutos de casca roxa. A similaridade genética detectada pelos marcadores microssatélites foi explorada com Análises de Coordenadas Principais (PCoA) utilizando o *software* NTSYSpc v.2.10 (ROHLF, 1990). As análises de estrutura da população e ancestralidade dos 28 acessos com base na estatística Bayesiana, sem nenhuma atribuição prévia às espécies, foi realizada utilizando o *software* Structure v.2.3.4 (PRITCHARD; STEPHENS; DONNELLY, 2000; PRITCHARD; WEN; FALUSH, 2010). Foi considerado o modelo de frequências alélicas correlacionadas e independentes entre os grupos inferidos, com base nos parâmetros do modelo de mistura (*Admixture model*) com 250.000 repetições iniciais (*burnin*) com um tamanho na corrida de 500.000 (*run-length*). Para identificar o

número de grupos na amostra dos acessos de *Passiflora*, o valor de $\ln P(D)$ foi obtido por meio do teste de K variando entre 1 a 10 usando 20 corridas independentes para cada valor de K (duração do período de repetições iniciais: 50.000; número de MCMC repetições após as repetições iniciais: 50.000). Os valores mais prováveis de K para cada teste foram detectados pelo Delta K (EVANNO; REGNAUT; GOUDET, 2005). Os acessos de *Passiflora* testados foram divididos em grupos segundo os valores de Q maiores ou iguais a 0,70, ou sendo considerados como intermediários ou misturados. A extração e quantificação de DNA de todos os acessos de *Passiflora* seguiram os procedimentos descritos anteriormente.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Sequenciamento parcial e montagem *de novo* do genoma de *Passiflora edulis* Sims para a detecção de microssatélites

A montagem foi baseada em 225.293.527 *reads* curtos de sequências de DNA (média do tamanho=62,65 pb), compreendendo uma base de dados de 14.113.860.125 pb (Tabela 2), a que correspondeu aproximadamente a 4,4X de cobertura do genoma de maracujá, supondo que o tamanho do genoma é de 3.126 Mpb (SOUZA et al., 2004). O total de 234.239 segmentos de contigs mostrou variação de tamanho de 166 a 45.662 pb, com média de 707 pb e cobertura de 165.702.691 pb. O conjunto dos segmentos foi revisado para identificar a presença de sítios de microssatélites.

Tabela 2. Resumo dos dados dos *reads* das sequências *pair-end* de Illumina, montagem *de novo* e detecção de repetições de microssatélites no genoma de *P. edulis*.

Informação do sequenciamento	Total #	Varição em tamanho (pb)	Média do tamanho (pb)	Total (pb)
<i>Reads de paired-end</i> de Illumina	225.293.527	52-76	62,65	14.113.860.125
Contigs	234.239	166-45.662	707	165.702.691
Sequências de microssatélites	Total #	>5 repetições		
Microssatélites imperfeitos e/o compostos	1.544.549	-		
Di-nucleotídeos perfeitos	360.162	13.391		
Tri-nucleotídeos perfeitos	60.669	1.436		
Tetra-nucleotídeos perfeitos	7.463	186		
Total	1.972.843	-		

O conjunto de 1.972.843 sítios de microssatélites ajustaram-se aos critérios estabelecidos para o descobrimento de sequências simples repetidas na montagem dos segmentos dos *contigs* (Tabela 2). Microssatélites perfeitos incluíram 360.162 repetições de di-nucleotídeos com um número de repetições que variou de 3 até 20 (13.391 > 5 repetições). Repetições perfeitas de tri-nucleotídeos incluíram 60.669 sítios de 3 até 14 repetições (1.436 > 5 repetições). Para tetra-nucleotídeos as repetições perfeitas incluíram 7.463 sítios com 3 até 13 repetições (186 > 5 repetições).

Análises de sequências dos *contigs* de *P. edulis* permitiram 37.761 anotações de genes e identificaram 5.947 sequências repetidas localizadas em regiões de genes putativos, dos quais 2.990 *hits* foram não redundantes. A predição *ab initio* para as regiões de expressão resultou em uma compilação de 101.361 *hits* em regiões de éxons dos 47.706 dos *scaffolds* avaliados. Usando o mínimo de 15X de cobertura média como corte, um total de 1.300 sítios de microssatélites perfeitos foram selecionados em regiões genômicas funcionais e estruturais de maracujazeiro-azedo. Nessa amostra de sítios de microssatélites, as repetições de tri-nucleotídeos foram a classe mais abundante (534 sítios), seguida pelos tetra-nucleotídeos (475) e di-nucleotídeos (294) (Figura 1a). Os tipos de sequências de microssatélites mais frequentes em cada classe foram AT/TA, GAA/TCC e AAAT/ATTT (Figura 1b). A repetição do motivo de di-nucleotídeo mais frequente (AT) também foi a mais abundante, correspondendo a 5,3% da região de microssatélites perfeitos detectados nos *contigs* com pelo menos 15X de cobertura. Por outro lado, motivos das repetições de tri e tetra-nucleotídeos apresentaram uma distribuição mais balanceada entre as diferentes classes.

A lista de 1.300 sítios de microssatélites foi ainda analisada para o desenvolvimento de *primers* para PCR. Pares de *primers* flanqueando as repetições de DNA puderam ser desenvolvidos para 816 sítios de microssatélites, os que foram adequados para o desenho dentro de cada *contig*, que não apresentaram locos de sequências simples repetidas adjacentes e que atenderam os requisitos previamente descritos (Apêndice). Aos novos marcadores microssatélites lhes foi dado o prefixo “BrPe”. A lista de marcadores incluiu 149 di, 329 tri e 338 tetra-nucleotídeos. Aproximadamente 56% dos marcadores estavam localizados em regiões funcionais do genoma de *P. edulis* (60 repetições de di, 263 de tri e 139 de tetra-nucleotídeos) e o restante em regiões estruturais.

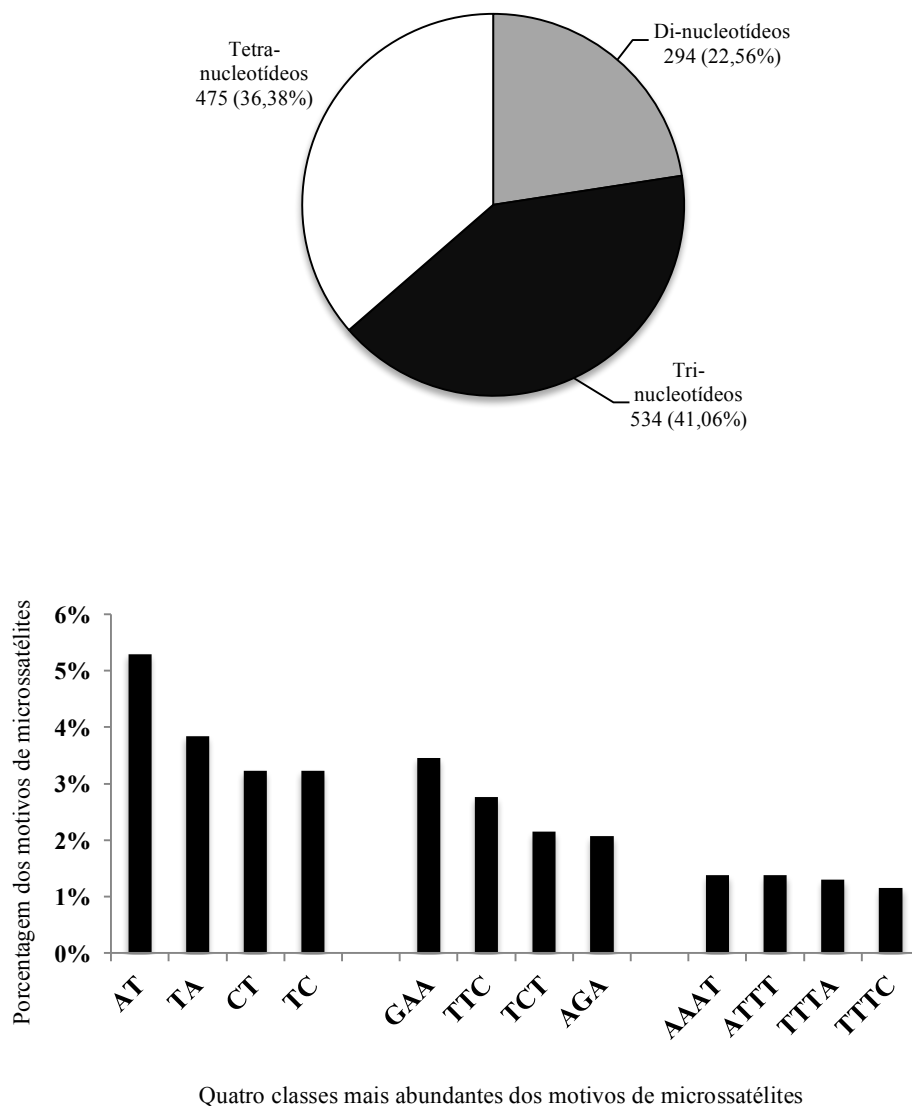


Figura 1. (a) Distribuição dos microssatélites perfeitos de di, tri e tetra-nucleotídeos em *contigs* com um mínimo de 15X de cobertura (b) Distribuição dos motivos mais frequentes com um mínimo de 15X de cobertura.

Foi escolhida uma amostra de 60 marcadores (50 di e 10 tri-nucleotídeos) que foram marcados com pigmentos fluorescentes e combinados para a amplificação simultânea em duplas ou trios para testar a eficiência de genotipagem e o polimorfismo dos marcadores nos acessos de maracujazeiro. Foram testados 25 painéis, que geralmente continham dois marcadores cada um para a amplificação

simultânea dos alelos. Dos 60 marcadores, 52 amplificaram produto em todos os 25 painéis, sem ajuste nas condições de PCR (Figura 2). Cinco marcadores funcionaram melhor na amplificação individual (BrPe0014, BrPe0021, BrPe0033, BrPe0042, BrPe0043). Não foram obtidos fragmentos amplificados de PCR em três marcadores (5%) (BrPe0004, BrPe0005, BrPe0048), embora não tenham sido testados ajustes na PCR. Isto representa uma taxa de sucesso mais elevada na amplificação por PCR de marcadores microsatélites que foram obtidos por qualquer outro método.

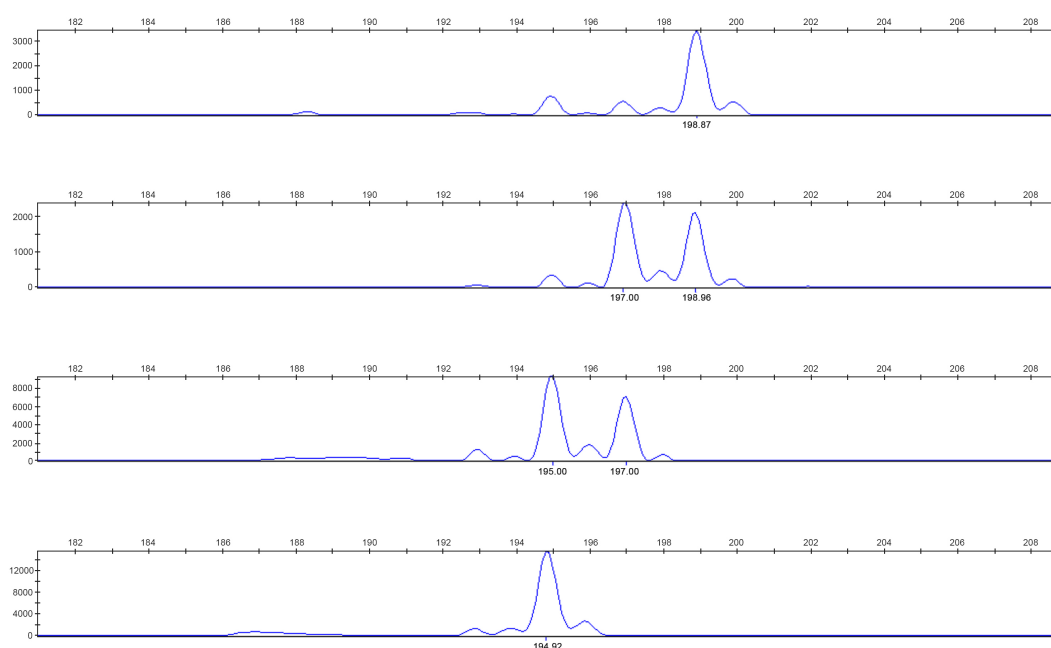


Figura 2. Eletroferograma do marcador BrPe0006 mostrando os padrões de amplificação e o polimorfismo do DNA em quatro acessos de *P. edulis* (1, 3, 4, 5) (Eixo Y = pfu; Eixo X = tamanho do alelo).

Estatística descritiva dos marcadores microsatélites

Dentro dos 57 marcadores que produziram fragmentos amplificados, 42 (aproximadamente 74%) foram polimórficos quando testados em uma amostra de dez acessos do germoplasma de *P. edulis*, que permitiram a detecção de 137 alelos (Tabela 3). Quinze marcadores não foram polimórficos (nove repetições de di-nucleotídeos e seis de tri-nucleotídeos) (Apêndice). O número de alelos observados para todos os marcadores microsatélites polimórficos variou entre 2 a 7, com uma

média de 3,26 alelos por loco (Tabela 3). Os valores para a heterozigosidade esperada (He) foram entre 0,19 e 0,84 com uma média de 0,55. A heterozigosidade observada (Ho) variou entre 0,00 e 1,00 com uma média de 0,45 (Tabela 3).

Foi conferido se o tamanho dos locos polimórficos correspondia ao tamanho esperado dos fragmentos de *P. edulis*. O tamanho esperado para cada marcador microssatélites está baseado na informação de sequenciamento gerada pelo processo da montagem *de novo*. A proporção de marcadores que geraram fragmentos amplificados dentro do 5% do tamanho esperado foi de 100% (42 de 42). Aproximadamente 55% dos marcadores polimórficos geraram fragmentos amplificados com produto exato ao esperado (23 de 42)

Além dos 50 marcadores de di-nucleotídeos testados para polimorfismo, 17 foram localizados nas regiões genômicas estruturais e 53 em sítios funcionais putativos do genoma de *P. edulis* (Apêndice). Não foi achada associação significativa (Teste Exato de Fisher P=0,64) entre o nível de polimorfismo do marcador e o tamanho da repetição (di ou tri-nucleotídeo).

Tabela 3. Estatísticas descritivas dos novos marcadores microssatélites de *Passiflora edulis*

Nº	Marcador	Sequência do primer 5'-3'	Motivo repetido	T _a	N alelos	Faixa tamanho do alelo (pb)	He	Ho	PIC
1	BrPe0032	F:TTGCACAATGACCAATGTTGT R:CTGAGCACCTTGTCAAAATACA	(AT) ₁₃	60°C	7	137-157	0,84	1,00	0,77
2	BrPe0028	F:CAAAAGGAACAGGGAAGA R:GAAAGAGAGAAAAGACAGAGA	(TA) ₆	55°C	5	90-110	0,80	0,50	0,72
3	BrPe0024	F:CCCTACCTTTCTCTGCTT R:CATCTCCTCTATCTCCTC	(TC) ₇	55°C	4	221-231	0,76	0,70	0,68
4	BrPe0031	F:AGGTCGGTGGGTGTGTTAG R:CATTCAACTCCCCAAAAGGT	(TA) ₉	60°C	5	134-150	0,77	0,67	0,67
5	BrPe0014	F:AATATGGCTGGGGAAAAC R:TTCTGTCTTTGGACCTT	(AG) ₇	57°C	5	215-227	0,75	0,50	0,67
6	BrPe0033	F:GCCATGAGAGACTTGGGAGA R:CGGTTGCCAAAAAGAAGAGA	(AT) ₈	60°C	5	237-249	0,72	0,30	0,65
7	BrPe0038	F:TTTCAACTTTTCGTGTGTGC R:TGTTGTGCTTGGAAAGGATG	(AT) ₆	60°C	5	154-176	0,73	0,60	0,64
8	BrPe0042	F:CATGCATTCATTTGTTTTCTTG R:GATGCTGGGAAAAAGAGTGC	(AT) ₈	60°C	6	142-160	0,71	0,80	0,63
9	BrPe0003	F:CTTTCTCCTTATACCC R:CCCTCCATAATCACATAAC	(TC) ₁₁	55°C	5	277-291	0,70	0,40	0,62
10	BrPe0043	F:TCATACATGGATGTCAAATCGATAC R:GCGGACCAAGAAAATTCAAA	(AT) ₈	60°C	4	199-207	0,71	0,50	0,60
11	BrPe0006	F:AAGGAAAAGAACAGCCTCA R:CGCTCTCAAATCAGTCAA	(TC) ₁₀	55°C	4	193-199	0,68	0,40	0,59
12	BrPe0002	F:AAAGCCCAGATGAAGTGAA R:GGCTCCAATCAGAAGTGT	(AG) ₁₂	55°C	3	177-185	0,69	0,56	0,58
13	BrPe0021	F:ACTTCTCATCATTCG R:GCTATGCCCTTTTTTG	(TA) ₇	55°C	3	158-164	0,67	0,25	0,56
14	BrPe0036	F:TCGGACCTTAAAACCGAGAA R:CAGCACCAAAATTTGACGAG	(TC) ₆	60°C	4	197-203	0,65	0,10	0,54
15	BrPe0023	F:AGATACCACACCAATAG R:TTGGAGTTGTTGGGGA	(CT) ₇	55°C	6	118-132	0,57	0,40	0,52

Nº	Marcador	Sequência do <i>primer</i> 5'-3'	Motivo repetido	T _a	N alelos	Faixa tamanho do alelo (pb)	He	Ho	PIC
16	BrPe3011	F:CCGGTCTTCCTGATTGACTC R:CCTCTCTCACTGGAACCTGC	(TTC) ₄	60°C	3	157-163	0,62	0,30	0,50
17	BrPe0037	F:TGATAATGCAGCGAAAGAGC R:TCACACTCCATTGCTCTGC	(TG) ₆	60°C	3	227-231	0,61	0,20	0,49
18	BrPe0010	F:GAAGAAAAAGGGCTTG R:GTTAGGGTTTGAGGA	(TC) ₉	55°C	3	200-204	0,60	0,40	0,48
19	BrPe0001	F:GTTGAGAGGATTGTGTTTG R:ATGGTAGAGGAGGAGAGA	(CT) ₁₄	55°C	3	143-157	0,56	0,14	0,46
20	BrPe0012	F:AGAGAGAGAGAGAGAGAG R:ACATCATACTCCTCATCC	(AG) ₈	55°C	3	214-218	0,58	0,13	0,45
21	BrPe0008	F:TTTTCAGCCTCCACTCTT R:TACACCACCAACTCAC	(AG) ₉	55°C	3	264-274	0,57	1,00	0,44
22	BrPe0025	F:CAAGGAACCAGAACAAGAAGAA R:GAAGAACAAGCCAGCCCA	(GA) ₆	55°C	3	114-126	0,57	0,11	0,44
23	BrPe0039	F:GCTGCTCCACTGTGAATGTC R:AACTAGCCCCGTCACAGTA	(AT) ₆	60	3	193-203	0,57	0,10	0,44
24	BrPe0050	F:TCAAGGGTATCTTTGGTGCTG R:AGCTTCAGCGAGACAAAACC	(TG) ₇	60°C	3	197-205	0,56	0,20	0,44
25	BrPe0013	F:GATCGAGGTGAGGTACTG R:GGTTTGGCTTTAATGGAGG	(AG) ₈	55°C	2	169-171	0,53	0,00	0,38
26	BrPe0020	F:TAAAGCATCAGGTCAG R:TAGATAGATTTGACGGG	(GT) ₇	55°C	2	295-297	0,53	0,00	0,38
27	BrPe0034	F:CCTGTGGTGAAAATGGAACC R:GAGCCCTGGACTGACACATT	(CT) ₁₅	60°C	2	217-227	0,56	1,00	0,38
28	BrPe0049	F:GGGAATCAAACCATGCAGT R:CTCCCAGCTTCCACTCACTC	(TA) ₉	60°C	2	189-191	0,53	0,11	0,38
29	BrPe3012	F:CGCCCTTCTGAAGATAATCC R:GCAATGCTAAGAAGGCCAAG	(TCT) ₄	60°C	2	181-183	0,53	0,11	0,38
30	BrPe0018	F:TCCTTCCTTCTCCTCC R:ACACTTGCTCTCATCT	(CT) ₇	55°C	3	135-149	0,43	0,30	0,37
31	BrPe0022	F:GGCATAGAAGTGGAAGGG R:GGAAGGGAAGTGAAGGGA	(AG) ₇	55°C	2	98-104	0,51	0,20	0,37
32	BrPe0047	F:TGGGCCATTTCTTTCTCTC R:GAATCCTGCATGAGTTGAGGA	(CT) ₉	60°C	2	186-192	0,48	0,30	0,35
33	BrPe3014	F:CGGAAGCGTGCTCATAAAGT R:AAGCCTGTGAGGTTGATTCCG	(AGA) ₅	60°C	2	218-220	0,48	0,30	0,35
34	BrPe0007	F:AAAGCCCAGATGAAGTGAA R:GGCTCCAATCAGAAGTGT	(AG) ₉	55°C	2	177-179	0,40	0,50	0,31
35	BrPe0027	F:TCCAATCTTCTCAACC R:CAAACACTAGTAAACCCC	(TA) ₆	46°C	3	97-101	0,35	0,20	0,30
36	BrPe3027	F:CCAAAATGCCAAAATGTCT R:GTCCGTGAGGAGATGTTCGAT	(GGT) ₄	60°C	3	178-202	0,35	0,40	0,30
37	BrPe0019	F:AAAGAGAAGGATGGATG R:AAAAAGGACGAGGAAGA	(TC) ₇	55°C	2	210-214	0,36	0,14	0,28
38	BrPe0044	F:GGACGCTAAGAGACCCATTG R:TAAAAGCCCCACTTGCAATC	(TA) ₆	60°C	2	217-219	0,33	0,38	0,26
39	BrPe0016	F:TGGTTGGTGGGTCTTGT R:CTCTTCTCTCTCTCTCTCT	(AG) ₇	55°C	2	277-279	0,21	0,22	0,18
40	BrPe0045	F:CGTTCCACTTTACCAGCTC R:GACCAACAACAGGCACAATG	(GT) ₈	60°C	2	183-185	0,21	0,22	0,18
41	BrPe0011	F:GTTTACTCCCTCATT R:CTTCTTAACATCCCCA	(CT) ₈	53°C	2	74-80	0,19	0,20	0,16
42	BrPe0017	F:TTGCTCTCGGTTCTCT R:CAAACACAAAACCCC	(AG) ₇	55°C	2	86-90	0,19	0,00	0,16
MÉDIA						3,26	0,55	0,35	0,45

F: *primer forward*; R: *primer reverse*; T_a: temperatura de anelamento; Ho: heterozigiosidade observada; He: heterozigiosidade esperada; PIC: conteúdo de informação polimórfica.

Transferibilidade dos marcadores microssatélites em espécies de *Passiflora*

Marcadores foram classificados segundo os valores de PIC obtidos para avaliar a amplificação cruzada em 78 espécies de *Passiflora*. A média do PIC para os marcadores selecionados foi de 0,60, variando entre 0,46 e 0,77 (Tabela 3, marcadores 1-16, 18, 19). Foi realizada uma avaliação do potencial da amplificação cruzada desses marcadores microssatélites em espécies de *Passiflora* mostrando que 72% da combinação marcador/espécie resultou em amplificação positiva (Tabela 4), com valores entre 33 a 89% (Tabela 4). Essa alta proporção de transferibilidade dos marcadores não era esperada. Três marcadores amplificaram em todas as 79 espécies de *Passiflora*, incluindo *P. edulis* (BrPe0032, BrPe0038, BrPe3011). BrPe0032 apresentou o mais alto valor do PIC e do número de alelos nos acessos de *P. edulis* testados. Primers BrPe0001, BrPe0034 e BrPe0042 também funcionaram na maioria das espécies testadas, com exceção de *P. porophylla* (BrPe0001), *P. triloba* e *P. vitifolia* (BrPe0034), *P. capsularis* e *P. gibertii* (BrPe0042). Interessante notar que, pelo menos 14 marcadores (BrPe0032, BrPe0038, BrPe3011, BrPe0001, BrPe0034, BrPe0042, BrPe0036, BrPe0006, BrPe0010, BrPe002, BrPe0031, BrPe0021, BrPe0003, BrPe0033) podem amplificar produtos de PCR em *P. alata*, *P. bahiensis*, *P. laurifolia*, *P. ligularis*, *P. luetzelburgii*, *P. maliformis*, *P. mendoncae*, *P. nitida*, *P. odontophylla*, *P. pedata*, *P. racemosa*, *P. recurva*, *P. setacea*, *P. speciosa* e *P. tenuiflora*. Cinquenta por cento dos marcadores produziram fragmentos amplificados em todas espécies testadas, exceto *P. pohlii* (*Decaloba*) e *P. sclerophylla* (*Astrophe*).

Tabela 4. Transferibilidade de 18 marcadores microssatélites de *P. edulis* a 78 espécies de *Passiflora*.

Nº	BrPe0043	BrPe0014	BrPe0002	BrPe0024	BrPe0033	BrPe0003	BrPe0021	BrPe0031	BrPe0028	BrPe0006	BrPe0010	BrPe0036	BrPe0034	BrPe0042	BrPe0001	BrPe0032	BrPe0038	BrPe3011	%
72	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	33%
84	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	-	-	+	+	+	+	+	+	44%
91	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	50%
36	-	-	-	-	+	-	+	-	-	+	+	-	+	+	+	+	+	+	56%
45	-	-	-	-	+	+	-	+	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	56%
58	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	56%
71	-	+	-	-	-	-	-	+	+	+	-	+	+	+	-	+	+	+	56%
73	-	-	-	-	-	-	-	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	56%
83	-	-	-	-	-	+	-	-	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	56%
95	-	-	-	-	-	-	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	61%
21	-	-	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	61%
22	-	-	-	-	-	+	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	61%

N°		BrPe0043	BrPe0014	BrPe0002	BrPe0024	BrPe0033	BrPe0003	BrPe0021	BrPe0031	BrPe0028	BrPe0006	BrPe0010	BrPe0036	BrPe0034	BrPe0042	BrPe0001	BrPe0032	BrPe0038	BrPe3011	%
35	<i>P. ferruginea</i>	-	-	-	+	-	-	+	+	+	-	-	+	+	+	+	+	+	+	61%
38	<i>P. haematosigma</i>	-	-	-	+	+	-	-	-	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	61%
44	<i>P. loefgrenii</i>	-	-	-	+	-	-	+	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	61%
53	<i>P. maliformis</i>	-	-	-	+	-	-	-	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	61%
60	<i>P. micropetala</i>	-	-	-	+	-	-	-	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	61%
62	<i>P. misera</i>	-	-	-	+	-	-	+	-	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	61%
63	<i>P. morifolia</i>	-	-	-	-	-	+	+	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	61%
82	<i>P. rubra</i>	-	+	-	+	-	-	-	-	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	61%
99	<i>P. vespertilio</i>	-	-	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	61%
13	<i>P. acuminata</i>	-	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	67%
26	<i>P. caerulea</i>	-	-	+	-	-	-	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	67%
27	<i>P. capsularis</i>	+	-	-	+	-	-	+	+	-	+	+	+	+	-	+	+	+	+	67%
30	<i>P. cervii</i>	-	-	-	+	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	67%
48	<i>P. jilekii</i>	-	-	-	+	-	-	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	67%
80	<i>P. rhamnifolia</i>	-	-	-	-	+	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	67%
94	<i>P. tholozanii</i>	-	-	-	-	-	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	67%
96	<i>P. triloba</i>	-	+	-	-	+	+	+	-	+	+	+	-	-	+	+	+	+	+	67%
101	<i>P. vitifolia</i>	+	-	-	-	+	-	-	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	67%
14	<i>P. alata</i>	-	-	-	+	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	72%
15	<i>P. alata</i>	-	+	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	72%
19	<i>P. ambigua</i>	+	-	-	+	-	-	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	72%
24	<i>P. biflora</i>	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	72%
25	<i>P. boticarioana</i>	-	-	+	+	+	+	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	72%
29	<i>P. cerradense</i>	-	-	-	+	+	+	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	72%
31	<i>P. chlorina</i>	+	-	-	+	+	+	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	72%
32	<i>P. cincinnata</i>	-	-	-	+	+	+	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	72%
37	<i>P. elegans</i>	-	-	+	-	+	+	-	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	72%
39	<i>P. foetida</i>	-	-	-	-	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	72%
41	<i>P. gardneri</i>	-	-	+	+	+	+	+	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	72%
42	<i>P. gibertii</i>	-	-	-	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	72%
47	<i>P. incarnata</i>	+	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	72%
49	<i>P. junqueirae</i>	-	-	+	-	+	-	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	72%
50	<i>P. kermesina</i>	-	+	+	-	-	+	-	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	72%
69	<i>P. organensis</i>	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	72%
74	<i>P. quadrangularis</i>	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	72%
75	<i>P. quadrangularis</i>	-	-	-	-	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	72%
76	<i>P. quadrifaria</i>	-	-	-	-	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	72%
86	<i>P. setacea</i>	-	-	-	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	+	+	+	+	+	72%
88	<i>P. setacea</i>	-	-	+	+	+	+	-	-	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	72%
97	<i>P. trintae</i>	-	-	-	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	72%
100	<i>P. villosa</i>	-	-	+	-	+	+	-	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	72%
12	<i>P. actinia</i>	-	-	+	-	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	78%
16	<i>P. alata</i>	-	-	+	-	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	78%
18	<i>P. alata</i>	-	+	-	+	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	78%
20	<i>P. amethystina</i>	-	-	+	+	+	-	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	78%
28	<i>P. cerasina</i>	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	78%
33	<i>P. coccinea</i>	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	78%
34	<i>P. decaisneana</i>	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	78%
40	<i>P. galbana</i>	-	-	+	+	-	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	78%
46	<i>P. hypoglauca</i>	-	-	+	-	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	78%

Nº		BrPe0043	BrPe0014	BrPe0002	BrPe0024	BrPe0033	BrPe0003	BrPe0021	BrPe0031	BrPe0028	BrPe0006	BrPe0010	BrPe0036	BrPe0034	BrPe0042	BrPe0001	BrPe0032	BrPe0038	BrPe3011	%
55	<i>P. malacophylla</i>	-	-	+	+	+	+	+	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	78%
56	<i>P. maliformis</i>	-	-	+	-	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	78%
61	<i>P. miersii</i>	-	-	+	-	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	78%
64	<i>P. mucronata</i>	-	-	-	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	78%
66	<i>P. nitida</i>	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	78%
67	<i>P. nitida</i>	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	78%
77	<i>P. quadriglandulosa</i>	+	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	78%
81	<i>P. riparia</i>	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	78%
85	<i>P. setacea</i>	-	-	-	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	78%
89	<i>P. sidaefolia</i>	-	-	-	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	78%
92	<i>P. subrotunda</i>	-	-	-	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	78%
98	<i>P. variolata</i>	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	78%
17	<i>P. alata</i>	-	+	-	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	83%
23	<i>P. bahiensis</i>	+	-	-	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	83%
54	<i>P. luetzelburgii</i>	-	-	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	83%
57	<i>P. maliformis</i>	-	-	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	83%
59	<i>P. mendoncaei</i>	-	-	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	83%
65	<i>P. nitida</i>	-	+	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	83%
78	<i>P. racemosa</i>	-	-	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	83%
79	<i>P. recurva</i>	-	-	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	83%
87	<i>P. setacea</i>	-	+	+	+	+	+	+	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	83%
90	<i>P. speciosa</i>	+	+	-	-	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	83%
43	<i>P. glandulosa</i>	+	+	-	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	89%
51	<i>P. laurifolia</i>	+	-	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	89%
52	<i>P. ligularis</i>	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	89%
68	<i>P. odontophylla</i>	-	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	89%
70	<i>P. pedata</i>	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	89%
93	<i>P. tenuifila</i>	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	89%
1	<i>P. edulis</i>	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	100%

Os novos marcadores microssatélites revelaram diversidade genética em *P. edulis* (Figura 2, Tabela 3) e também em outras espécies relacionadas (Figura 3). A análise PCoA baseada no polimorfismo dos 18 marcadores avaliados em 28 acessos de seis espécies (*P. edulis*, *P. alata*, *P. maliformis*, *P. nitida*, *P. quadrangularis* e *P. setacea*) permitiu a separação em quatro grupos principais. A variação detectada pelo valor *eigen* foi para o eixo 1=32,08%, eixo 2=14,20% e eixo 3=11,10%. Curiosamente os acessos de *P. edulis* formaram dois grupos (Figura 3a) e poderiam ser facilmente separados dos acessos de outras espécies de *Passiflora*. A única exceção foi BRS Maracujá Jaboticaba (Tabela 1, acesso 11), que não foi incluído em nenhum dos dois grupos de *P. edulis* e sim no grupo de *P. setacea*. O quarto grupo incluiu acessos de *P. nitida*, *P. quadrangularis*, *P. alata* e *P. maliformis*. Embora os

acessos dessas quatro espécies possam ser discriminados dentro desse conjunto de marcadores microssatélites, todos eles estão incluídos no mesmo grupo. Uma análise de estrutura de população e ancestralidade desses 28 acessos, sem nenhuma atribuição prévia de espécie, também inferiu a existência de quatro grupos principais, estimados pela plotagem dos valores de K versus Delta K , para K variando de 1 para 10 (Figura 3b). Novamente os acessos de *P. edulis* foram colocados em dois grupos, os acessos de *P. setacea* foram separados em um terceiro grupo, enquanto os acessos de *P. nitida*, *P. quadrangularis*, *P. alata* e *P. maliformis* formaram um quarto grupo. Todos os acessos foram colocados em um a quatro grupos com um valor para Q de ≥ 70 , com exceção do BRS Maracujá Jaboticaba (acesso e11), o que apresentou um perfil misturado ou intermediário.

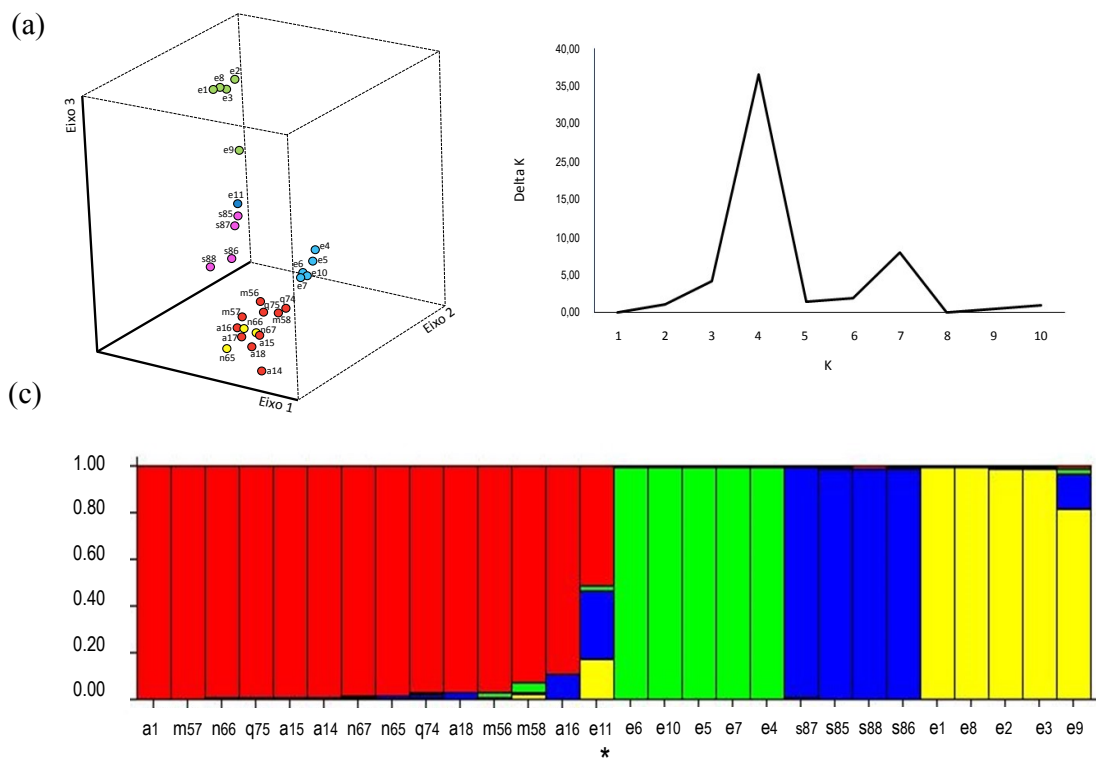


Figura 3. (a) Análises das coordenadas principais de 28 acessos de *Passiflora* pertencentes a seis espécies de maracujazeiro relacionadas com base no polimorfismo de microssatélites. As amostras foram identificadas segundo o número de acesso da Tabela 1, precedido pela inicial: *P. edulis* (amostras e1 até e11); *P. alata* (amostras a14 até a18); *P. maliformis* (amostras m56 até m58); *P. nitida* (amostras n65 até n67) e *P. setacea* (amostras s85 até s88); (b) Plotagem dos valores de K vs Delta K para

definir o número mais provável de grupos nas análises de estrutura da população e ancestralidade de 28 acessos de *Passiflora* sem nenhuma atribuição prévia de espécie; (c) os acessos de *Passiflora* foram separados por grupos com base nos valores de Q ($Q > 0,70$) para $K=4$. As amostras misturadas ou intermédias foram identificadas com asterisco.

A maioria dos marcadores microssatélites de *P. edulis* e outras espécies de *Passiflora* tem sido obtidas mediante o sequenciamento de bibliotecas enriquecidas com regiões de sequências simples repetidas (CAZÉ et al., 2012; CERQUEIRA-SILVA et al., 2012, 2014b; OLIVEIRA, 2006; OLIVEIRA et al., 2005; PADUA et al., 2005; PENHA et al., 2013). Existem, apenas, aproximadamente 200 marcadores microssatélites di-nucleotídeos disponíveis para *P. edulis* (CERQUEIRA-SILVA et al., 2014b; OLIVEIRA, 2006; OLIVEIRA et al., 2005). Nesse trabalho foi descrito o eficiente uso da tecnologia NGS, que além de obter uma grande quantidade de dados sequenciados mediante a aplicação de ferramentas de bioinformática, permitiu a geração de 816 marcadores microssatélites para a espécie.

A maioria dos marcadores microssatélites desenvolvidos para *P. edulis* detectaram baixo polimorfismo, variando entre 15% (CERQUEIRA-SILVA et al., 2014b) a 24,7% (OLIVEIRA, 2006). Esses resultados tem sido interpretados como evidência de baixa diversidade genética em *P. edulis* (CERQUEIRA-SILVA et al., 2012, 2014b), contrastando com a alta diversidade morfológica (CROCHEMORE; MOLINARI; STENZEL, 2003) e agrônômica (CERQUEIRA-SILVA et al., 2008; MELETTI; SOARES-SCOTT; BERNACCI, 2005) observada na espécie. Com o intuito de verificar quão polimórfico era o novo conjunto de marcadores microssatélites, foi testada uma amostra de 60 marcadores em dez acessos de *P. edulis* coletados em diferentes regiões do Brasil e estimados os parâmetros genéticos como H_o , PIC e número de alelos. Aproximadamente 74% dos marcadores de di e tri-nucleotídeos que apresentaram fragmentos amplificados foram polimórficos, onde o PIC, H_o e o número de alelos foram altos. Os valores do PIC para 80,9% (38/47) dos marcadores de di-nucleotídeos variaram entre 0,26 e 0,77, e para o 40% (4/10) dos marcadores de tri-nucleotídeos entre 0,30 e 0,50. Utilizando *fingerprinting* de DNA baseado em somente dois marcadores (BrPe0028 e BrPe0032), poderíamos discriminar todos os acessos de *P. edulis* utilizados no presente estudo. Essas estimativas são similares aos valores encontrados para outras espécies alógamas onde

a tecnologia NGS foi utilizada no desenvolvimento de marcadores microssatélites, como é o caso da forrageira *Brachiaria ruziziensis* (SILVA et al., 2013) ou do rabanete *Raphanus sativus* (ZHAI et al., 2014). Portanto, não foi achada evidência de baixo polimorfismo dos microssatélites em *P. edulis* mediante a avaliação do novo conjunto de marcadores microssatélites. Muito pelo contrário, a maioria dos marcadores testados foi altamente polimórfico. É possível que o baixo polimorfismo encontrado em *P. edulis* nos estudos prévios com marcadores microssatélites deve ter ocorrido por causa de parentesco genético nas amostras de maracujazeiro utilizadas nos testes, ou simplesmente porque os marcadores testados foram localizados em regiões mais conservadas do genoma de maracujazeiro-azedo.

Marcadores microssatélites perfeitos representam somente uma fração (aproximadamente 10%) do número de marcadores disponíveis, até agora, para *P. edulis*. A ampla maioria é de marcadores com motivos compostos ou imperfeitos, os que são difíceis de interpretar em trabalhos de genotipagem de rotina devido à dificuldade na binagem dos alelos (DOMANIÇ; PREPARATA, 2007; LIM et al., 2013). Além disso, na maioria dos estudos em *P. edulis*, marcadores microssatélites tem sido baseados na discriminação alélica em géis de agarose (CASTRO, 2012; PAIVA et al., 2014) ou poliacrilamida (CERQUEIRA-SILVA et al., 2014b, 2015, OLIVEIRA et al., 2005, 2008; ORTIZ et al., 2012), o que adiciona ainda mais desafios na análise de marcadores microssatélites compostos e imperfeitos. Isso pode ser um obstáculo para algumas aplicações, especialmente em estudos genéticos de populações (MA; RÖDER; SORRELLS, 1996). Todos os novos marcadores estão baseados na repetição do mesmo motivo de nucleotídeo sem interrupção ou variação, o que facilita a análise genética.

Foram testados os novos marcadores microssatélites de *P. edulis* em outras 78 espécies. A porcentagem de transferibilidade em outras espécies do subgênero *Passiflora* foi alta (75,4%), similar a *Distephana* (71,11%). Mas, diminuiu nas espécies do gênero *Astrophea* (63,33) e *Decaloba* (59,72%). OLIVEIRA et al. (2013) obtiveram resultados similares para transferibilidade de marcadores microssatélites de *P. edulis* para o subgênero *Passiflora* (>73%) e *Decaloba* (54%). É interessante notar que o produto da amplificação da PCR de *P. edulis* foi obtido para pelo menos 50% dos marcadores testados em todos os 90 acessos de outras espécies de *Passiflora*, com exceção de *P. pohlii* (*Decaloba*) e *P. sclerophylla* (*Astrophea*). Isso indica que uma proporção substancial dos novos marcadores microssatélites de *P. edulis* pode,

potencialmente, ser usada em estudos genéticos de um amplo número de espécies de *Passiflora*.

Uma análise combinada de 28 acessos de seis espécies de *Passiflora* (*P. edulis*, *P. alata*, *P. maliformis*, *P. nitida*, *P. quadrangularis* e *P. setacea*) utilizando os novos marcadores microssatélites demonstrou ser eficiente na descoberta de diversidade genética em maracujazeiro. *P. edulis* formou dois grupos que podem ser facilmente separados dos acessos de outras espécies. Esses acessos de *P. edulis* foram obtidos em diferentes regiões do Brasil, mas não foi achada correlação genética entre os grupos e a origem geográfica (dados não apresentados). Porém, um dos grupos está composto por acessos de maracujazeiro-azedo (Tabela 1, acessos 1-3 e 8), os que têm sido utilizados comercialmente (ex. acessos Maguary, CPGA1 e CPMSC1) e possivelmente derivados de populações de ancestralidade comum (MONTEIRO et al., 2010; OLIVEIRA, 2006). O acesso 8 (Criciúma, Santa Catarina) foi originalmente coletado em uma área próxima de pomares de *Passiflora*, e seus frutos podem ter sido derivados de polinização cruzada com cultivares comerciais. Embora o acesso BRS Maracujá Jaboticaba seja classificado como *P. edulis* (Tabela 1, acesso 11) ele não foi agrupado dentro dos dois grupos de *P. edulis*. BRS Maracujá Jaboticaba parece estar associado ao terceiro grupo formado pelos acessos de *P. setacea* (Figura 3a), apesar da probabilidade estimada de inclusão dentro de esse grupo ser baixa ($Q=0,52$) (Figura 3c). Análises do modo de reprodução de BRS Maracujá Jaboticaba no Capítulo 2, indicam que a cultivar é autocompatível apresentando altos níveis de autogamia, enquanto a maioria dos acessos são alógamos, o que poderia explicar a distância genética com os outros acessos de maracujazeiro-azedo. Análises adicionais relacionadas aos diferentes modos de reprodução e à plasticidade do sistema reprodutivo na diversidade genética de *P. edulis* devem ser realizados.

O quarto grupo incluiu acessos de *P. nitida*, *P. quadrangularis*, *P. alata* e *P. maliformis*. Análises moleculares de filogenia em espécies de *Passiflora* utilizando polimorfismo de nrITS, trnL-trnF e rps4 agrupou *P. alata*, *P. quadrangularis*, *P. maliformis*, *P. setacea* e *P. edulis* (MUSCHNER et al., 2003). Análises de DNA plastidial também encontraram que *P. alata*, *P. nitida*, *P. edulis* e *P. maliformis* estão proximamente relacionadas (HANSEN et al., 2006). PAIVA et al. (2014), utilizando os marcadores microssatélites de OLIVEIRA (2006) e PADUA et al. (PADUA et al., 2005) encontraram similaridade molecular entre *P. edulis* e *P. setacea*. De fato, a filogenia em *Passiflora* é muito complexa, com mais de 520 espécies distribuídas em

vários continentes. Marcadores microssatélites podem ajudar a entender os relacionamentos genéticos dentro das espécies e entre os acessos de espécies próximas.

A pressão antrópica em centros de diversidade está contribuindo para a erosão genética de muitas plantas, incluindo *Passiflora* (FERREIRA, 2005; MYERS et al., 2000; RODRIGUES et al., 2009). Conservação *in situ* da flora nativa, assim como os esforços na coleta de espécies silvestres, populações crioulas e variedades locais de maracujazeiro para sua conservação *ex situ* são necessárias para seu uso atual como no futuro.

A viabilidade de sementes a curto prazo segue sendo uma importante limitação na conservação (DOBSON; BRADSHAW; BAKER, 1997; KHURANA, E.;SINGH, 2001) e a maioria das coleções dependem da propagação vegetativa para seu armazenamento. É um desafio manter um grande número de acessos de maracujazeiro mediante propagação vegetativa na coleção de germoplasma com as restrições de recursos humanos e financeiros. Como a propagação vegetativa é a principal maneira de conservação, cada acesso de maracujazeiro é composto por uma ou poucas plantas por espécie ou variedade, colocando limites para a conservação da diversidade genética *ex situ*. Atividades de rotina na conservação do germoplasma e melhoramento requerem aplicação de tecnologia genômica, incluindo marcadores microssatélites, na conservação e uso dos recursos genéticos do maracujazeiro.

CONCLUSÕES

A tecnologia NGS foi utilizada para a obtenção de uma grande quantidade de sequências genômicas, as quais foram aplicadas no desenvolvimento de centenas de marcadores microssatélites para *P. edulis*. Os novos marcadores detectaram altos níveis de polimorfismo em *P. edulis* e podem ser utilizado para avaliar a diversidade genética em acessos de maracujazeiro-azedo e em espécies próximas. A porcentagem de transferibilidade dos marcadores microssatélites desenvolvidos variou entre 33% e 89% para 78 espécies de *Passiflora* pertencentes a quatro subgêneros (*Passiflora*, *Distephana*, *Astrophea* e *Decaloba*). Dessa forma, vários marcadores microssatélites de *P. edulis* podem ser utilizados potencialmente em análises genética em outras espécies do gênero *Passiflora*. Esse novo conjunto de marcadores microssatélites

pode ser prontamente utilizado em muitas aplicações na conservação de germoplasma, programas de melhoramento e estudos genéticos do maracujazeiro.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABDELKRIM, J.; ROBERTSON, B. C.; STANTON, J.; GEMMELL, N. Fast, cost-effective development of species-specific microsatellite markers by genomic sequencing. **BioTechniques**, v. 46, n. 3, p. 185–92, 2009.

ABREU, S. P. M.; PEIXOTO, J. R.; VILELA, N. T.; FIGUEREIDO, M. A. Características agronômicas de seis genótipos de maracujazeiro-azedo cultivados no Distrito Federal. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 31, n. 3, p. 920–924, 2009.

BELLON, G.; FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, K. P.; JUNQUEIRA, N. T. V.; SANTOS, E. C.; BRAGA, M. F.; GUIMARÃES, C. T. Variabilidade genética de acessos silvestres e comerciais de *Passiflora edulis* Sims. com base em marcadores RAPD. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 29, n. 1, p. 124–127, 2007.

BRONDANI, R. P. V. BRONDANI, C.; TARCHINI, R.; GRATTAPAGLIA, D. Development, characterization and mapping of microsatellite markers in *Eucalyptus grandis* and *E. urophylla*. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 97, n. 5–6, p. 816–827, 1998.

CASTOE, T. A.; POOLE, A. W.; KONING, A. P. J.; JONES, K.; TOMBACK, D. F.; OYLER-MCCANCE, S. J.; FIKE, J. A.; LANCE, S. L.; STREICHER, J. W.; SMITH, E. N.; POLLOCK, D. D. Rapid identification of thousands of copperhead snake (*Agkistrodon contortrix*) microsatellite loci from modest amounts of 454 shotgun genome sequence. **Molecular Ecology Resources**, v. 10, n. 2, p. 341–7, 2010.

CASTRO, J. **Conservação dos recursos genéticos de *Passiflora* e seleção de descritores mínimos para caracterização de maracujazeiro**. Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, 2012.

CAZÉ, A. L. R.; KRIEDT, R. A.; BEHEREGARAY, L. B.; BONATTO, S. L.; FREITAS, L. B. Isolation and Characterization of Microsatellite Markers for *Passiflora contracta*. **International Journal of Molecular Science**, v. 13, n. 9, p. 11343–8, 2012.

CERQUEIRA-SILVA, C. B.; SANTOS, E. S. L.; SOUZA, A. M.; MORI, G. M.; OLIVEIRA, E. J.; CORRÊA, R. X.; SOUZA, A. P. Development and characterization of microsatellite markers for the wild South American *Passiflora cincinnata* (Passifloraceae). **American Journal of Botany**, v. 99, n. 4, p. e170-2, 2012.

CERQUEIRA-SILVA, C. B.; JESUS, O. N.; SANTOS, E. S. L.; CORRÊA, R. X.; SOUZA, A. P. Genetic Breeding and Diversity of the Genus *Passiflora*: Progress and Perspectives in Molecular and Genetic Studies. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 15, n. 8, p. 14122–14152, 2014a.

CERQUEIRA-SILVA, C. B.; SANTOS, E. S. L.; VIEIRA, J. G. P.; MORI, G. M.; JESUS, O. N.; CORRÊA, R. X.; SOUZA, A. P. New Microsatellite Markers for Wild and Commercial Species of *Passiflora* (Passifloraceae) and Cross-Amplification. **Applications in Plant Sciences**, v. 2, n. 2, p. 1300061, 2014b.

CERQUEIRA-SILVA, C. B. M.; MOREIRA, C. N.; FIGUEIRA, A. R.; CORRÊA, R. X.; OLIVEIRA, A. C. Detection of a resistance gradient to Passion fruit woodiness virus and selection of “yellow” passion fruit plants under field conditions. **Genetics and Molecular Research**, v. 7, n. 4, p. 1209–1216, 2008.

CERQUEIRA-SILVA, C. B. M.; JESUS, O. N.; OLIVEIRA, E. J.; SANTOS, E. S. L.; SOUZA, A. P. Characterization and selection of passion fruit (yellow and purple) accessions based on molecular markers and disease reactions for use in breeding programs. **Euphytica**, v. 202, n. 3, p. 345–359, 2015.

CROCHEMORE, M. L.; MOLINARI, H. B. C.; VIEIRA, L. G. E. Genetic Diversity in Passion Fruit (*Passiflora* spp.) Evaluated by RAPD Markers. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, v. 46, n. 4, p. 521–527, 2003.

CROCHEMORE, M. L.; MOLINARI, H. B.; STENZEL, N. M. C. Caracterização agromorfológica do maracujazeiro (*Passiflora* spp.). **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 25, n. 1, p. 5–10, 2003.

CSENCISCS, D.; BRODBECK, S.; HOLDEREGGER, R. Cost-Effective, Species-Specific Microsatellite Development for the Endangered Dwarf Bulrush (*Typha minima*) Using Next-Generation Sequencing Technology. **Journal of Heredity**, v. 101, n. 6, p. 789–793, 2010.

DOBSON, A. P.; BRADSHAW, A. D.; BAKER, A. J. M. Hopes for the Future: Restoration Ecology and Conservation Biology. **Scandinavian Journal of Statistics**, v. 277, p. 515–522, 1997.

DOMANIÇ, N. O.; PREPARATA, F. P. A novel approach to the detection of genomic approximate tandem repeats in the levenshtein metric. **Journal of Computational Biology**, v. 14, n. 7, p. 873–891, 2007.

DOYLE, J.; DOYLE, J. L. Genomic plant DNA preparation from fresh tissue-CTAB method. **Phytochem Bull**, v. 19, n. 11, p. 11–15, 1987.

EVANNO, G.; REGNAUT, S.; GOUDET, J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. **Molecular Ecology**, v. 14, n. 8, p. 2611–2620, 2005.

FAJARDO, D.; ANGEL, F.; GRUM, M.; TOHME, J.; LOBO, M.; ROCA, W. M. Genetic variation analysis of the genus *Passiflora* L. using RAPD markers. **Euphytica**, v. 101, p. 341–347, 1998.

FALEIRO, F. G.; FALEIRO, A. S. G.; CORDEIRO, M. C. R.; KARIA, C. T. **Metodologia para operacionalizar a extração de DNA de espécies nativas do cerrado**. Comunicado Técnico. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2003.

FERREIRA, F. Recursos genéticos de *Passiflora*. In: FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N. T. V.; BRAGA, M. F. (Eds.). **Maracujá: germoplasma e melhoramento**

genético. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2005. p. 41–52.

FERREIRA, F. R.; OLIVEIRA, J. C. Germoplasma de Passiflora no Brasil. In: SÃO JOSÉ, A. R. (Ed.). **A cultura do maracujá no Brasil**. Jaboticabal: FUNEP, 1991. p. 187–200.

FONSECA-TRUJILLO, N.; MÁRQUEZ-CARDONA, M. P.; MORENO-OSORIO, J. H.; TERÁN-PÉREZ, W.; SCHULER-GARCÍA, I. Caracterización molecular de materiales cultivados de gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis*). **Universitas Scientiarum**, v. 14, p. 135–140, 2009.

GOLDSTEIN, D. B.; CLARK, A. G. Microsatellite variation in North American populations of *Drosophila melanogaster*. **Nucleic Acids Research**, v. 23, n. 19, p. 3882–3886, 1995.

GUIGÓ, R.; KNUDSEN, S.; DRAKE, N.; SMITH, T. Prediction of gene structure. **Journal of Molecular Biology**, v. 226, n. 1, p. 141–157, 1992.

HANSEN, A. K.; GILBERT, L. E.; SIMPSON, B. B.; DOWNIE, S.; CERVI, A. C.; JANSEN, R. K. Phylogenetic Relationships and Chromosome Number Evolution in *Passiflora*. **Systematic Botany**, v. 31, n. 1, p. 138–150, 2006.

HOLLELEY, C. E.; GEERTS, P. G. Multiplex Manager 1.0: a cross-platform computer program that plans and optimizes multiplex PCR. **BioTechniques**, v. 46, n. 7, p. 511–517, 2009.

KHURANA, E.; SINGH, J. S. Ecology of seed and seedling growth for conservation and restoration of tropical dry forest : a review. **Environmental Conservation**, v. 28, n. 1, p. 39–52, 2001.

LI, R.; LI, Y.; KRISTIANSEN, K.; WANG, J. SOAP: Short oligonucleotide alignment program. **Bioinformatics**, v. 24, n. 5, p. 713–714, 2008.

LIM, K. G.; KWOH, C. K.; HSU, L. Y.; WIRAWAN, A. Review of tandem repeat

search tools: A systematic approach to evaluating algorithmic performance. **Briefings in Bioinformatics**, v. 14, n. 1, p. 67–81, 2013.

LITT, M.; LUTY, J. A. A Hypervariable Microsatellite Revealed by In Vitro Amplification of a Dinucleotide Repeat within the Cardiac Muscle Actin Gene. **American Journal of Human Genetics**, v. 44, p. 397–401, 1989.

LYNCH, M. The similarity index and DNA fingerprinting. **Molecular Biology and Evolution**, v. 7, n. 5, p. 478–84, 1990.

MA, Z. Q.; RÖDER, M.; SORRELLS, M. E. Frequencies and sequence characteristics of di-, tri-, and tetra-nucleotide microsatellites in wheat. **Genome**, v. 39, n. 1, p. 123–30, 1996.

MACDOUGAL, J.; FEUILLET, C. Systematics. In: ULMER, T.; MACDOUGAL, J. (Eds.). **Passiflora: Passionflowers of the World**. Portland, OR, USA: Timber Press, 2004. p. 27–31.

MARSHALL, T. C.; SLATE, J.; KRUUK, L. E. B.; PEMBERTON, J. M. Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. **Molecular Ecology**, v. 7, p. 639–655, 1998.

MATSCHINER, M.; SALZBURGER, W. TANDEM: Integrating automated allele binning into genetics and genomics workflows. **Bioinformatics**, v. 25, n. 15, p. 1982–1983, 2009.

MAYER, C. **Phobos 3.3.11 edn.**, 2006-2010.

MELETTI, L. M. M.; SOARES-SCOTT, M. D.; BERNACCI, L. C. Caracterização fenotípica de três seleções de maracujazeiro-roxo (*Passiflora edulis* Sims). **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 27, n. 2, p. 268–272, 2005.

MONTEIRO, S. R.; FONSECA, L. P.; SILVA, M. S.; FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N. T. V. **Estudos preliminares para o uso de termoterapia ex vitro**

em maracujazeiro-azedo visando à eliminação de vírus-do-endurecimento-dos-frutos. Embrapa Cerrados. Planaltina, DF. 2010. p. 18

MUSCHNER, V. C.; LORENZ, A. P.; CERVI, A. C.; BONATTO, S. C.; SOUZA-CHIES, T. T.; SALZANO, F. M.; FREITAS, L. B. A first molecular phylogenetic analysis of *Passiflora* (Passifloraceae). **American Journal of Botany**, v. 90, n. 8, p. 1229–1238, 2003.

MYERS, N.; MITTERMEIER, R. A.; MITTERMEIER, C. G.; FONSECA, G. A. B.; KENT, J. Biodiversity hotspots for conservation priorities. **Nature**, v. 403, n. 6772, p. 853–858, 2000.

OCAMPO, J.; D'EECKENBRUGGE, G.; JARVIS, A. Distribution of the genus *Passiflora* L. diversity in Colombia and its potential as an indicator for biodiversity management on the coffee growing zone. **Diversity**, v. 2, p. 1158–1180, 2010.

OLIVEIRA, E. J.; PÁDUA, J. G.; ZUCCHI, M. I.; CAMARGO, L. E. A.; FUNGARO, M. H. P.; VIEIRA, M. L. C. Development and characterization of microsatellite markers from the yellow passion fruit (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*). **Molecular Ecology Notes**, v. 5, n. 2, p. 331–333, 2005.

OLIVEIRA, E. J. **Desenvolvimento e uso de marcadores microssatélites para construção e integração de mapas genéticos de maracujá-amarelo (*Passiflora edulis* Sims f. *flavicarpa* Deg.).** Universidade de São Paulo, 2006.

OLIVEIRA, E. J.; VIEIRA, M. L.; GARCIA, A. A. F.; MUNHOZ, C. F.; MARGARIDO, G. R. A.; CONSOLI, L.; MATTA, F. P.; MORAES, M. C.; BOX, P. O.; ZUCCHI, M. I.; FUNGARO, M. H. P. An Integrated Molecular Map of Yellow Passion Fruit Based on Simultaneous Maximum-likelihood Estimation of Linkage and Linkage Phases. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v. 133, n. 1, p. 35–41, 2008.

OLIVEIRA, G. A. F.; PÁDUA, J. G.; COSTA, J. L.; JESUS, O. N.; CARVALHO, F. M.; OLIVEIRA, E. J. Cross-species Amplification of Microsatellite Loci Developed

for *Passiflora edulis* Sims. in Related *Passiflora* Species. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, v. 56, p. 785–792, 2013.

ORTIZ, D. C.; BOHÓRQUEZ, A.; DUQUE, M. C.; TOHME, J.; CUÉLLAR, D.; MOSQUERA, T. Evaluating purple passion fruit (*Passiflora edulis* Sims f. *edulis*) genetic variability in individuals from commercial plantations in Colombia. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 59, n. 6, p. 1089–1099, 2012.

PADUA, J. G.; OLIVEIRA, E. J.; ZUCCHI, M. I.; OLIVEIRA, G. C. X.; CAMARGO, L. E. A.; VIEIRA, M. L. C. Isolation and characterization of microsatellite markers from the sweet passion fruit (*Passiflora alata* Curtis: Passifloraceae). **Molecular Ecology Notes**, v. 5, n. 4, p. 863–865, 2005.

PAIVA, C., VIANA, A. P.; SANTOS, E. A.; FREITAS, J. C. O.; SILVA, R. N. O.; OLIVEIRA, E. J. Genetic variability assessment in the genus *Passiflora* by SSR marker. **Chilean Journal of Agricultural Research**, v. 74, n. 3, p. 355–360, 2014.

PENHA, H. A.; PEREIRA, G. S.; ZUCCHI, M. I.; DINIZ, A. L.; VIEIRA, M. L. C. Development of microsatellite markers in sweet passion fruit, and identification of length and conformation polymorphisms within repeat sequences. **Plant Breeding**, v. 132, n. 6, p. 731–735, 2013.

PLOTZE, R. O.; FALVO, M.; PÁDUA, J. G.; BERNACCI, L. C.; VIEIRA, M. L. C.; OLIVEIRA, G. C. X.; BRUNO, O. M. Leaf shape analysis using the multiscale Minkowski fractal dimension, a new morphometric method: A study with *Passiflora* (Passifloraceae). **Canadian Journal of Botany**, v. 83, p. 287–301, 2005.

POWELL, W.; MORGANTE, M.; ANDRE, C.; HANAFEY, M.; VOGEL, J.; TINGEY, S.; RAFALSKI, A. The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis. **Molecular Breeding**, v. 13, p. 391–393, 1996.

PRITCHARD, J. K.; STEPHENS, M.; DONNELLY, P. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. **Genetics**, v. 155, n. 2, p. 945–959, 2000.

PRITCHARD, J. K.; WEN, X.; FALUSH, D. **Documentation for structure software: Version 2.3**, Chicago, IL. University of Chicago, 2010.

REIS, R. V.; OLIVEIRA, E. J.; VIANA, A. P.; PEREIRA, T. B. S.; PEREIRA, M. G.; SILVA, M. G. M. Diversidade genética em seleção recorrente de maracujazeiro - amarelo detectada por marcadores microssatélites. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, n. 1, p. 51–57, 2011.

RENDÓN, J. S.; OCAMPO, J.; URREA, R. Estudio sobre polinización y biología floral en *Passiflora edulis f. edulis* Sims, como base para el premejoramiento genético. **Acta Agronómica**, v. 62, n. 3, p. 232–241, 2013.

RODRIGUES, R. R.; LIMA, R. A. F.; GANDOLFI, S.; NAVE, A. G. On the restoration of high diversity forests: 30 years of experience in the Brazilian Atlantic Forest. **Biological Conservation**, v. 142, n. 6, p. 1242–1251, 2009.

ROHLF, F. **Numerical taxonomy and multivariate analysis system (NTSYS-pc)**. New York, Department of Ecology and Evolution, 1990.

SANTOS, L. F. et al. ISSR markers as a tool for the assessment of genetic diversity in *Passiflora*. **Biochemical genetics**, v. 49, n. 7–8, p. 540–54, 2011.

SEGURA, S.; D'EECKENBRUGGE, G. C.; BOHORQUEZ, A.; OLLITRAUTL, P.; TOHME, J. An AFLP diversity study of the genus *Passiflora* focusing on subgenus *Tacsonia*. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 00, p. 1–10, 2002.

SILVA, P. I.; MARTINS, A. M.; GOUVEA, E. G.; PESSOA-FILHO, M.; FERREIRA, M. E. Development and validation of microsatellite markers for *Brachiaria ruziziensis* obtained by partial genome assembly of Illumina single-end reads. **BMC Genomics**, v. 14, n. 1, p. 17, 2013.

SOUZA, M. M.; PALOMINO, G.; PEREIRA, T. N. S.; PEREIRA, M. G.; VIANA, A. P. Flow cytometric analysis of genome size variation in some *Passiflora* species.

Hereditas, v. 141, p. 31–38, 2004.

UNTERGASSER, A.; NIJVEEN, H.; RAO, X.; BISSELING, T.; GEURTS, R.; LAUNISSEN, J. A. M. Primer3Plus, an enhanced web interface to Primer3. **Nucleic Acids Research**, v. 35, p. W71–W74, 2007.

VIANA, A. J. C.; SOUZA, M. M.; ARAÚJO, I. S.; CORRÊA, R. X.; AHNERT, D. Genetic diversity in Passiflora species determined by morphological and molecular characteristics. **Biologia Plantarum**, v. 54, n. 3, p. 535–538, 2010.

ZERBINO, D. R.; BIRNEY, E. Velvet: Algorithms for de novo short read assembly using de Bruijn graphs. **Genome Research**, v. 18, n. 5, p. 821–829, 2008.

ZHAI, L.; XU, L.; WANG, Y.; CHENG, H.; CHEN, Y.; GONG, Y.; LIU, L. Novel and useful genic-SSR markers from de novo transcriptome sequencing of radish (*Raphanus sativus* L.). **Molecular Breeding**, v. 33, n. 3, p. 611–624, 2014.

**CAPÍTULO 2. ESTIMATIVA DAS TAXAS DE AUTOGAMIA E ALOGAMIA
NA CULTIVAR BRS MARACUJÁ JABOTICABA DE
Passiflora edulis Sims UTILIZANDO MARCADORES MICROSSATÉLITES**

**CHAPTER 2. ESTIMATED RATES OF AUTOGAMY AND ALOGAMY IN
THE CULTIVAR BRS MARACUJÁ JABOTICABA
OF *Passiflora edulis* Sims USING MICROSATELLITE MARKERS**

RESUMO

Maracujazeiro-azedo (*Passiflora edulis* Sims) possui flores hermafroditas, mas, de maneira geral, elas são incapazes de produzir zigotos após autopolinização devido à autoincompatibilidade. Pelo contrário, observações em relação ao modo de reprodução da cultivar BRS Maracujá Jaboticaba (BRS MJ) evidenciaram a autocompatibilidade, mas ainda não foram publicados dados conclusivos sobre o modo de reprodução dessa cultivar. Neste trabalho, foram estimadas as taxas de autogamia e alogamia na cultivar BRS MJ utilizando 16 marcadores microssatélites polimórficos. Frutos provenientes de três plantas com polinização aberta e de uma planta com polinização controlada (autofecundação), deram origem a quatro progênes de 21 a 23 indivíduos cada uma. Amostras de DNA de cada um dos indivíduos foram extraídas e genotipadas para obtenção de fragmentos amplificados. Autogamia e alogamia foram estimadas com base na taxa de cruzamento multiloco (t_m). Nas três progênes obtidas a partir da polinização aberta, a taxa de cruzamento multiloco variou entre 0,409 e 0,566, evidenciando o modo de reprodução misto por meio da autogamia e alogamia. Na progênie obtida a partir da autofecundação, a autogamia foi de 99,99% confirmando autocompatibilidade na cultivar BRS MJ. Análises de variabilidade genética da cultivar BRS MJ em relação aos outros acessos da espécie *P. edulis* com base em marcadores microssatélites, mostraram uma clara diferenciação entre elas, corroborando as diferenças fenotípicas e diferentes modos de reprodução.

Palavras-chave: *Passiflora edulis* Sims, maracujá-roxo, modo de reprodução, microssatélites, autocompatibilidade, autofecundação

ABSTRACT

Different cultivars of passion fruit (*Passiflora edulis* Sims) have hermaphrodite flowers, but, in general, cannot produce zygotes after selfing, due to because self-incompatibility. On the other hand, observations regarding the mating system of the cultivar BRS Maracujá Jaboticaba (BRS MJ) evidenced self-compatibility, but conclusive data has not been published. In this research, allogamy and autogamy rates were estimated for *P. edulis* cultivar BRS MJ by 16 polymorphic microsatellite markers. Fruits from three plants with open pollination and one plant with controlled pollination (selfing) have originated four populations with 21 to 23 individuals each. DNA samples from each individual were extracted and genotyped with microsatellite markers. Autogamy and allogamy were estimated based on multilocus outcrossing rates (t_m). All three offspring obtained from open-pollinated, allogamy was confirmed with multilocus rate of 0.409 to 0.566, that is an evidence of the mixed mating system through autogamy and allogamy. The offspring coming from selfing, autogamy was in 99.99% which confirms auto-compatibility on the BRS MJ cultivar. Analysis of genetic variability with BRS MJ and other accessions of the *P. edulis* species based on microsatellite markers showed a clear differentiation between them, corroborating the phenotypic differences and different mating system.

Keywords: *Passiflora edulis*, purple passion fruit, mating system, microsatellite, self-compatibility, selfing

INTRODUÇÃO

Numerosas são as espécies do gênero *Passiflora* que produzem frutos comestíveis, as que no Brasil são chamadas de maracujás. Dentro desse grupo, a espécie mais conhecida e de importância comercial é *Passiflora edulis* Sims (FALEIRO et al., 2011; OCAMPO et al., 2007), a que é chamada de maracujazeiro-azedo. Seus frutos podem ser amarelos, vermelhos e roxos, os quais são utilizados para o processamento industrial e também para consumo *in natura*. O maracujazeiro-amarelo é cultivado principalmente em Brasil, Equador e Colômbia e o maracujazeiro-roxo é mais cultivado na Austrália, África, no Sudeste Asiático e também na Colômbia. Maracujazeiro-roxo e amarelo são nativos da América tropical, onde o maracujazeiro-amarelo tem sido considerado como uma variação do maracujazeiro-roxo, sendo ambas as formas da mesma espécie (OLIVEIRA; RUGGIERO, 2005).

O maracujazeiro-roxo possui características físicas e organolépticas interessantes para o mercado de frutas especiais, mas a baixa produtividade e a falta de cultivares com características agronômicas desejáveis que se adaptem às diferentes áreas de produção vem limitando a produção comercial no Brasil (MELETTI; SOARES-SCOTT; BERNACCI, 2005)

Com o intuito de gerar uma cultivar de maracujazeiro-roxo mais adaptada às condições de produção no Cerrado o programa de melhoramento genético das Passifloras da Embrapa Cerrados, desenvolveu a cultivar BRS Maracujá Jaboticaba (BRS MJ), por meio da seleção massal, visando ao aumento de produtividade e aceitação comercial das características físicas e químicas dos frutos, e menor dependência da polinização manual. O programa de melhoramento começou com os primeiros ciclos de seleção e recombinação em 1999, utilizando acessos e populações silvestres de *Passiflora edulis* Sims. Entre 1999 e 2013, foram realizados seis ciclos de seleção massal e então selecionadas as matrizes superiores para a geração da nova cultivar, a qual apresenta flores pequenas, com diâmetro entre 3 e 5 cm com antese matutina, podendo estender-se durante o período da tarde, dependendo das condições climáticas. Possui comprimento do androginóforo curto (0,5 a 1,0 cm) o que permite a polinização por pequenos insetos. Os frutos são roxos, arredondados e pequenos (diâmetros transversal de 45 mm e longitudinal de 43 mm), com uma massa média de 40 gramas. Sua polpa é alaranjado clara, levemente ácida, com alto teor de sólidos

solúveis totais (acima de 15 °Brix), especial para consumo *in natura*, o que a faz uma seleção muito atrativa para a diversificação do mercado das Passifloras.

Autocompatibilidade tem sido observada para a espécie *P. edulis*, principalmente para o maracujazeiro-roxo (CHANG, 1974, 1981; ISHIHATA, 1981; RÊGO, 1997), embora existam evidências que a autocompatibilidade também possa ocorrer em alguns acessos de maracujazeiro-amarelo (SHIVANNA, 2012). De maneira geral, considera-se que *P. edulis* é uma espécie autoincompatível (BRUCKNER et al., 1995). O mecanismo da autoincompatibilidade, segundo BRUCKNER et al., (1995), é do tipo homomórfica esporofítica, e de herança monofatorial porém, estudos posteriores de SUASSUNA et al. (2003), sugerem a existência de um gene de efeito gametofítico associado ao sistema esporofítico.

No gênero *Passiflora* a autocompatibilidade também tem sido observada em outras espécies, como *Passiflora elegans*, *Passiflora tenuifila*, *Passiflora vilosa*, *Passiflora suberosa*, *Passiflora foetida* (JUNQUEIRA et al., 2005), *Passiflora capsularis* e *Passiflora rubra* (AMORIM et al., 2011).

Até o momento, observações em relação ao modo de reprodução da cultivar BRS MJ evidenciaram a autocompatibilidade, mas ainda não foram publicados dados conclusivos sobre o modo de reprodução dessa cultivar. Pesquisas sobre o modo de reprodução em populações autocompatíveis são conduzidas por meio de diferentes metodologias, como o cálculo da porcentagem de frutificação obtida por polinização natural, autopolinização natural, autopolinização manual e polinização cruzada (ex. RENDÓN; OCAMPO; URREA, 2013; SHIVANNA, 2012). Segundo BAYE e BECKER (2004), a melhor maneira de calcular a taxa de alogamia, parâmetro fundamental para a estimação do modo de reprodução, é por meio do uso de marcadores moleculares aplicados em progênies de plantas.

Marcadores moleculares microsatélites têm sido usados amplamente para investigar os modos de reprodução em populações naturais, assim como em análise de paternidade e construção de mapas genéticos (CHASE; KESSELI; BAWA, 1996). Estes marcadores apresentam várias vantagens como a simplicidade, efetividade, abundância no genoma, hipervariabilidade, reprodutibilidade e herança codominante (LITT; LUTY, 1989; POWELL et al., 1996), além de apresentar altos níveis de polimorfismo e heterozigosidade esperada, sendo muito utilizados para entender em detalhe os padrões de composição de parentesco e para a discriminação individual na identificação de clones (COLLEVATTI; BRONDANI; GRATTAPAGLIA, 1999; DE

LORENZIS et al., 2013; SCHUELER et al., 2003; VOUILLAMOZ; MAIGRE; MEREDITH, 2003).

Nesse trabalho, o objetivo principal foi estudar o modo de reprodução da cultivar BRS Maracujá Jaboticaba da espécie *P. edulis* utilizando marcadores microssatélites. Neste contexto, os marcadores microssatélites foram utilizados para (a) confirmar ocorrência de autofecundação, (b) determinar as taxas de autogamia e alogamia em diferentes plantas da cultivar e (c) avaliar se existem cruzamentos entre indivíduos aparentados de outras cultivares de maracujazeiro.

MATERIAL E MÉTODOS

Material vegetal

Foram escolhidas quatro plantas da cultivar BRS MJ (Figura 1) para a formação de quatro progênies. Duas plantas (P1RJ-RC e P2RJ-RC) cultivadas em um pomar comercial de BRS Rubi do Cerrado (*P. edulis*) plantado a 1,5 m x 2 m (Figura 2); uma planta (P3RJ-GA) cultivada em um pomar comercial misto de BRS Rubi do Cerrado, BRS Gigante Amarelo e BRS Sol do Cerrado (1,5 m x 2 m) (Figura 2). Os dois pomares estavam localizados em Planaltina do DF (15° 25' 23" S, 47° 32' 33" W, 1039 m.s.n.m.). A quarta planta (P4RJ-CV) foi cultivada de forma isolada em uma casa de vegetação na Embrapa Cerrados, Planaltina do DF (5° 35' 30" S, 47° 42' 30" W, 1100 m.s.n.m.).

Não foi controlada a polinização nas três plantas que se encontravam nos pomares, permitindo a polinização natural para testar alogamia e autogamia espontâneas. No caso da planta cultivada em casa de vegetação, foi realizada a autopolinização para avaliar a possibilidade de autofecundação. Após a frutificação, foi coletado um fruto por planta. As sementes de cada fruto foram germinadas em bandejas de poliestireno com um substrato de turfa, perlita e solo. Após 8 semanas, foram coletadas folhas para a extração de DNA.

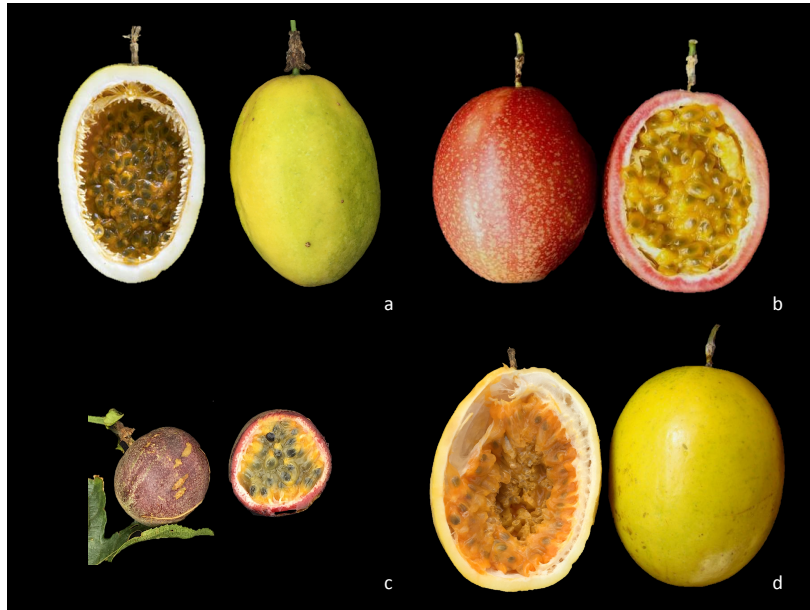


Figura 1. Imagem comparativa do tamanho e da cor dos frutos de três cultivares desenvolvidas pela Embrapa e parceiros, a) e b) BRS Rubi do Cerrado, c) BRS Maracujá Jaboticaba e d) BRS Gigante Amarelo.

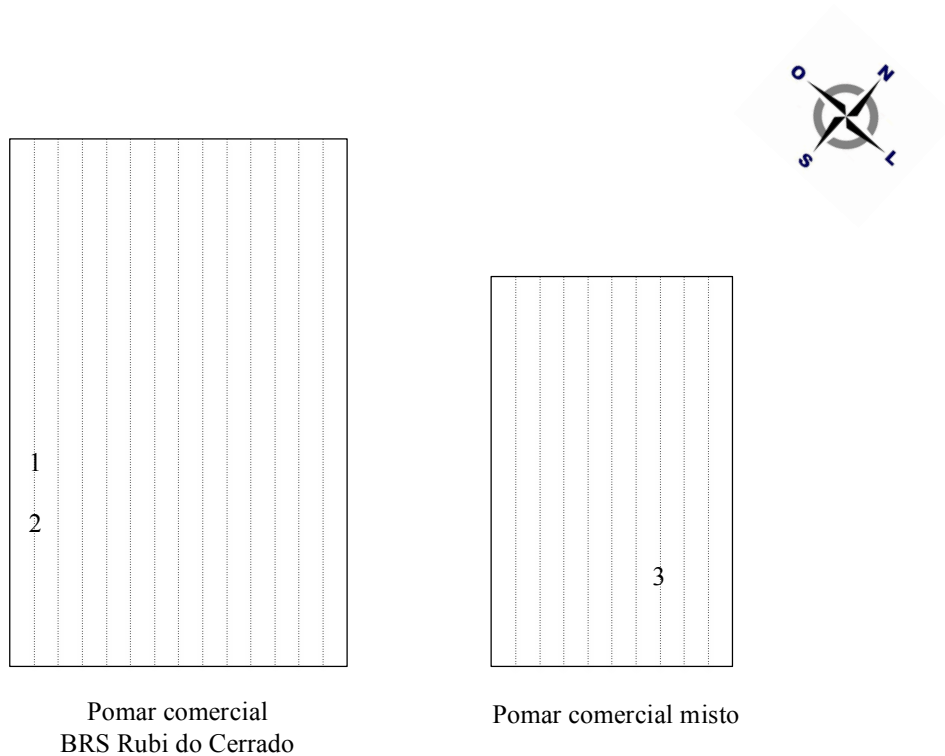


Figura 2. Croqui da distribuição das plantas de BRS Maracujá Jaboticaba (1) P1RJ-RC e (2) P2RJ-RC no pomar comercial de BRS Rubi do Cerrado, e (3) P3RJ-GA no pomar comercial misto de BRS Rubi do Cerrado, BRS Gigante Amarelo e BRS Sol do Cerrado.

Extração de DNA e genotipagem

Amostras de DNA de cada uma das quatro plantas de *P. edulis* cv. BRS MJ e suas respectivas progênes (21 a 23 indivíduos por progênie) foram extraídas utilizando o método CTAB (DOYLE; DOYLE, 1987) com modificações de FALEIRO et al., (2003). A concentração de DNA de cada amostra foi estimada utilizando o espectofotômetro Nanodrop 2000 (Thermo Scientific, USA), e as amostras foram diluídas em TE pH 8,0 para uma concentração final de 5 η g/ μ L. Foram testados 18 pares de primers de microssatélites polimórficos desenhados e validados para *P. edulis* no Capítulo 1 (Tabela 1).

As reações em cadeia da polimerase (PCR) foram realizadas em um volume total de 5 μ L que continham 5 η g de DNA genômico, 1X de QIAGEN Multiplex PCR Kit Master Mix (QIAGEN), 0,5X Q-Solution (QIAGEN), e 0,2 μ M de cada *primer*. As reações de PCR foram realizadas no termociclador Veriti™ (Applied Biosystems, USA) usando o seguinte programa de amplificação: 95°C por 15 minutos; 35 ciclos a 94°C por 30 segundos, 55, 57 ou 60°C por 90 segundos, e 72°C por 60 segundos; extensão final a 60°C por 60 minutos. Para 1 μ L do produto da amplificação de cada amostra, foram adicionados 9 μ L de Hi-Di™ Formamida (Applied Biosystems, USA) contendo um padrão de tamanho, marcado com o fluoróforo ROX, e então o DNA foi desnaturado a 94°C por 5 minutos. Após a desnaturação, as amostras foram injetadas no sequenciador automático ABI3730 (Applied Biosystems, USA). As análises de genotipagem foram realizadas no *software* GeneMapper® (Applied Biosystems, USA) e os dados foram binados no *software* Tandem (MATSCHINER; SALZBURGER, 2009).

Estatísticas e análises de dados

Foram estimados o número de alelos, a heterozigosidade esperada (H_e) e observada (H_o), e o conteúdo de informação polimórfica (PIC) dos marcadores microssatélites em cada uma das quatro progênes utilizando o *software* Cervus v.3.0.3 (Tristan Marshall 1998-2014) (MARSHALL et al., 1998)

A herança Mendeliana dos locos de microssatélites foi analisada com o Teste Exato de Fisher de 2x3 no *software* VassarStats (LOWRY, 2001-2016) [<http://vassarstats.net/fisher2x3.html>] que baseia-se no procedimento descrito por FREEMAN e HALTON (1951) para a obtenção da probabilidade da hipótese nula

acontecer. Foi assumido que os locos heterozigotos em uma população autógama segregam em uma proporção 1:2:1.

O modo de reprodução foi analisado sob o modelo misto ou modelo de cruzamentos correlacionados (RITLAND, 1989) utilizando o *software* MLTR v.3.2 (RITLAND, 2002). Foram calculadas a taxa de cruzamento multiloco (t_m), a taxa de cruzamento uniloco (t_s), a taxa de cruzamento entre indivíduos aparentados ($t_p = (t_m - t_s)$), a correlação multiloco de paternidade (r_p), a correlação uniloco de paternidade (r_s), os cruzamentos correlacionados ($t_m \times r_p$), cruzamentos aleatórios ($t_m (1 - r_p)$) e a taxa de autogamia ($1 - t_m$). O Desvio Padrão foi obtido a partir de 100 repetições da reamostragem de indivíduos dentro de cada progênie.

Foi realizada a Análise de Coordenadas Principais (PCoA) utilizando o *software* NTSYSpc v.2.10 (ROHLF, 1990), onde foram considerados 103 indivíduos (10 acessos de *P. edulis* e 93 indivíduos do acesso *P. edulis* cv. BRS MJ. Também foi realizada um análise de estrutura e ancestralidade com base na estatística Bayesiana, sem nenhuma atribuição prévia às espécies, utilizando o *software* Structure v.2.3.4 (PRITCHARD; STEPHENS; DONNELLY, 2000; PRITCHARD; WEN; FALUSH, 2010). Foi considerado o modelo de frequências alélicas correlacionadas e independentes entre os grupos inferidos, com base nos parâmetros do modelo de mistura (*Admixture model*) com 250.000 repetições iniciais (*burnin*) com um tamanho na corrida de 500.000 (*run-length*). Para identificar o número de grupos dos 103 genótipos, o valor de ln P(D) foi obtido pelo teste de K variando entre 1 a 10, usando 20 corridas independentes para cada valor de K (duração do período de repetições iniciais: 50.000; número de MCMC repetições após as repetições iniciais: 50.000). Os valores mais prováveis de K para cada teste foram detectados pelo Delta K (EVANNO; REGNAUT; GOUDET, 2005). Os acessos testados foram divididos em grupos segundo os valores de Q maiores ou iguais a 0,70, ou sendo considerados como intermediários ou misturados. A extração e quantificação de DNA dos 10 acessos de *P. edulis* seguiram os procedimentos descritos anteriormente.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Dos 18 pares de *primers* de microssatélites testados, 16 amplificaram satisfatoriamente (88,9%) (excluídos BrPe0014 e BrPe0036). Nem todos os locos

foram polimórficos quando avaliados em cada progênie, o que era esperado considerando a menor variabilidade genética dentro das progênies de cada planta e devido à possibilidade de autogamia. Na família P1RJ-RC, dos 16 locos, 12 foram polimórficos, apresentando entre 2 a 4 alelos por loco. As médias da He para esses locos polimórficos foi de 0,16, da Ho de 0,21 e do PIC de 0,13 (Tabela 2). Na família P2RJ-RC, 14 locos foram polimórficos com o mesmo número de alelos por loco que na família P1RJ-RC, e valores similares para a He, Ho e PIC (Tabela 3). Já para a família proveniente da planta P3RJ-GA, a que se encontrava em um pomar misto de BRS Gigante Amarelo, BRS Rubi do Cerrado e BRS Sol do Cerrado, o número de locos polimórficos foi de 15 (93,8%), apresentando 2 a 4 alelos por loco e maiores médias de Ho e He que nas outras progênies, e PIC de 0,33 (Tabela 4). Para a família proveniente da planta que se encontrava isolada na casa de vegetação (P4RJ-CV), os valores caíram para somente 2 locos polimórficos (12,5%) com dois alelos por loco (Tabela 5).

Tabela 1. Estatísticas da seleção de 18 marcadores microssatélites polimórficos que foram validados em *P. edulis* no Capítulo 1.

Painel	Marcador	Dye	Sequência do <i>primer</i> 5'-3'	Motivo	Ta	N	Tamanho alelos bp	He	Ho	PIC
1	BrPe0001	6-Fam	F:GTTGAGAGGATTGTGTTTG R: ATGGTAGAGGAGGAGAGA	(CT) ₁₄	55°C	3	143-157	0,56	0,14	0,46
	BrPe0028	Hex	F:CAAAAAGGAACAGGGAAGA R: GAAAGAGAGAAAGACAGAGA	(TA) ₆	55°C	5	90-110	0,80	0,50	0,72
2	BrPe0002	Hex	F:AAAGCCCAGATGAAGTGAA R:GGCTCCAATCAGAAGTGT	(AG) ₁₂	55°C	3	177-185	0,69	0,56	0,58
	BrPe0024	6-Fam	F:CCCTACCTTTCTCTGCTT R:CATCTCCTCTATCTCCTTC	(TC) ₇	55°C	4	221-231	0,76	0,70	0,68
3	BrPe0003	6-Fam	F:CTTCTCTCCCTATACCC R:CCCTCCATAATCACATAAC	(TC) ₁₁	55°C	5	277-291	0,70	0,40	0,62
	BrPe0006	6-Fam	F:AAGGAAAAGAACAGCCTCA R:CGCTCTCAAATCAGTCAAA	(TC) ₁₀	55°C	4	193-199	0,68	0,40	0,59
	BrPe0010	Hex	F:GAAGAAAAAAGGGCTTG R:GTTAGGGTTTGGAGGA	(TC) ₉	55°C	4	199-207	0,71	0,50	0,60
4	BrPe0031	6-Fam	F:AGGTGGTGGGTGTGTTTAG R:CATTCAACTCCCCAAAAGGT	(TA) ₉	60°C	5	134-150	0,77	0,67	0,67
	BrPe0036	Hex	F:TCGGACCTTAAAACCGAGAA R:CAGCACCAAAATTGACGAG	(TC) ₆	60°C	4	197-203	0,65	0,10	0,54
5	BrPe0032	6-Fam	F:TTGCACAATGACCAATGTTGT R:CTGAGCACCTTGTCAAAATACA	(AT) ₁₃	60°C	7	137-157	0,84	1,00	0,77
	BrPe0034	Hex	F:CCTGTGGTGAATGGAACC R:GAGCCCTGGACTGACACATT	(CT) ₁₅	60°C	2	217-227	0,56	1,00	0,38
6	BrPe0038	6-Fam	F:TTTCAACTTTTCGTGTGTGC R:TGTTGTTGCTTGAAGGATG	(AT) ₆	60°C	5	154-176	0,73	0,60	0,64
	BrPe3011	Hex	F:CCGGTCTTCTGATTGACTC R:CCTCTCTCACCTGGAACCTGC	(TTC) ₄	60°C	3	157-163	0,62	0,30	0,50
NP	BrPe0014	6-Fam	F:AATATGGCTGGGAAAAC R:TTCTGTCTTTGGACCTT	(AG) ₇	57°C	5	215-227	0,75	0,50	0,67
	BrPe0021	6-Fam	F:ACTTCCTCATCATTCTG R:GCTATGCCTCTTTTGG	(TA) ₇	55°C	3	158-164	0,67	0,25	0,56

Painel	Marcador	Dye	Sequência do <i>primer</i> 5'-3'	Motivo	Ta	N	Tamanho alelos bp	He	Ho	PIC
NP	BrPe0033	Hex	F:GCCATGAGAGACTTGGGAGA R:CGGTTGCCAAAAAGAAGAGA	(AT) ₈	60°C	5	237-249	0,72	0,30	0,65
	BrPe0042	6-Fam	F:CATGCATTCATTGTTTTCTTG R:GATGCTGGGAAAAAGAGTGC	(AT) ₈	60°C	6	142-160	0,71	0,80	0,63
	BrPe0043	Hex	F:TCATACATGGATGTCAAATCGATAC R:GCGGACCAAGAAAATTCAAA	(AT) ₈	60°C	4	199-207	0,71	0,50	0,60
						Média	4,24	0,70	0,51	0,60

F: *primer forward*; R: *primer reverse*; T_a: temperatura de anelamento; N: número de alelos; Ho: heteroziguidade observada; He: heteroziguidade esperada; PIC: conteúdo de informação polimórfica, NP: não painel.

Tabela 2. Estatísticas descritivas dos 12 locos de microssatélites polimórficos testados na progênie P1RJ-RC.

Loco	N	Tamanho alelos pb	Ho	He	PIC
BrPe0001	3	154-160	0,57	0,49	0,38
BrPe0002	2	171-187	0,05	0,05	0,04
BrPe0003	2	279-289	0,04	0,04	0,04
BrPe0006	2	193-197	0,04	0,04	0,04
BrPe0021	3	162-172	0,10	0,09	0,09
BrPe0028	2	99-105	0,09	0,09	0,08
BrPe0031	3	143-147	0,29	0,27	0,24
BrPe0032	2	151-153	1,00	0,51	0,38
BrPe0038	2	155-157	0,13	0,12	0,11
BrPe0042	4	148-156	0,13	0,12	0,12
BrPe0043	2	200-206	0,05	0,05	0,04
BrPe3011	2	159-165	0,04	0,04	0,04
Média	2,42		0,21	0,16	0,13

N: número de alelos; Ho: heteroziguidade observada; He: heteroziguidade esperada; PIC: conteúdo de informação polimórfica

Tabela 3. Estatísticas descritivas dos 14 locos de microssatélites polimórficos testados na progênie P2RJ-RC.

Loco	N	Tamanho alelos pb	Ho	He	PIC
BrPe0001	4	154-162	0,81	0,55	0,44
BrPe0002	2	175-187	0,05	0,05	0,05
BrPe0003	2	287-289	0,04	0,04	0,04
BrPe0006	2	191-197	0,05	0,05	0,04
BrPe0010	3	197-207	0,09	0,09	0,08

Loco	N	Tamanho alelos pb	Ho	He	PIC
BrPe0024	2	226-232	0,04	0,04	0,04
BrPe0028	2	99-105	0,04	0,04	0,04
BrPe0031	4	135-147	0,48	0,46	0,41
BrPe0032	2	151-153	1,00	0,51	0,38
BrPe0033	2	242-252	0,05	0,05	0,04
BrPe0034	2	213-227	0,05	0,05	0,04
BrPe0038	2	155-157	0,04	0,04	0,04
BrPe0042	2	150-156	0,04	0,04	0,04
BrPe3011	2	159-165	0,04	0,04	0,04
Média	2,36		0,20	0,15	0,12

N: número de alelos; Ho: heterozigidade observada; He: heterozigidade esperada; PIC: conteúdo de informação polimórfica

Tabela 4. Estatísticas descritivas dos 15 locos de microssatélites polimórficos testados na progênie P3RJ-GA.

Loco	N	Tamanho alelos pb	Ho	He	PIC
BrPe0001	3	154-162	0,33	0,45	0,36
BrPe0002	2	181-187	0,48	0,37	0,30
BrPe0003	4	279-293	0,42	0,35	0,31
BrPe0006	3	195-199	0,21	0,20	0,18
BrPe0010	3	203-207	0,50	0,41	0,36
BrPe0021	2	164-172	0,50	0,38	0,31
BrPe0024	3	226-232	0,50	0,41	0,35
BrPe0028	3	99-105	0,52	0,43	0,37
BrPe0032	2	151-153	1,00	0,51	0,38
BrPe0033	3	242-252	0,42	0,35	0,29
BrPe0034	3	213-225	0,50	0,41	0,35
BrPe0038	2	155-157	0,50	0,38	0,31
BrPe0042	3	150-156	0,52	0,43	0,37
BrPe0043	5	200-220	0,50	0,42	0,38
BrPe3011	2	159-165	0,50	0,38	0,31
Média	2,87		0,49	0,39	0,33

N: número de alelos; Ho: heterozigidade observada; He: heterozigidade esperada; PIC: conteúdo de informação polimórfica

Tabela 5. Estatísticas descritivas dos 2 locos de microssatélites polimórficos testados na progênie P4RJ-CV.

Loco	N	Tamanho alelos pb	Ho	He	PIC
BrPe0001	2	154-156	0,55	0,50	0,37
BrPe0032	2	151-153	1,00	0,51	0,38
Média	2		0,77	0,50	0,37

N: número de alelos; Ho: heterozigosidade observada; He: heterozigosidade esperada; PIC: conteúdo de informação polimórfica

Quando comparados os alelos dos indivíduos de cada progênie com os alelos do genitor feminino, um total de 57 indivíduos (63,3%) apresentaram somente alelos do genitor feminino. Na família P1RJ-RC, 13 indivíduos apresentaram somente alelos do genitor feminino (56,5%); na família P2RJ-RC, 13 indivíduos (59,1%); na família P3RJ-GA, 10 indivíduos (43,4%); e na família P4RJ-CV, todos os 21 indivíduos (100%) tiveram somente alelos do genitor feminino. Segundo a segregação Mendeliana, locos heterozigotos do genitor feminino resultarão em 50% de progênie heterozigota para esse mesmo loco, na ocorrência de autopolinização. Considerando somente os indivíduos com alelos provenientes do genitor feminino, foi calculada a probabilidade de segregação na proporção 1:2:1 utilizando o Teste Exato de Fisher, onde a maioria dos locos apresentaram uma probabilidade maior que $P=0,05$ não existindo diferença significativa entre a segregação esperada e a observada. A exceção foi para o loco BrPe0032 nas progênies P1RJ-RC e P4RJ-CV, que apresentou diferença significativa ($0,0441 < P=0,05$ e $0,025 < P=0,05$, respectivamente), rejeitando a hipótese nula de 1:2:1 (Tabela 6; Figura 3).

Tabela 6. Probabilidade da segregação independente mediante o Teste Exato de Fisher em quatro progênies provenientes de autopolinização de quatro plantas da cultivar BRS Maracujá Jaboticaba.

Família	Loco	Fenótipo genitor feminino <i>ab</i>	Segregação F1 <i>aa:ab:bb</i>	Taxa esperada <i>aa:ab:bb</i>	<i>P</i>
P1RJ-RC	BrPe0001	154/156	1 : 5 : 6	1 : 2 : 1	0,7576
	BrPe0032	151/153	0 : 13 : 0	1 : 2 : 1	0,0441

Família	Loco	Fenótipo genitor feminino <i>ab</i>	Segregação F1 <i>aa:ab:bb</i>	Taxa esperada <i>aa:ab:bb</i>	<i>P</i>
P2RJ-RC	BrPe0001	154/156	0 : 10 : 2	1 : 2 : 1	0,2445
	BrPe0031	145/147	10 : 3 : 0	1 : 2 : 1	0,0987
	BrPe0032	151/153	0 : 12 : 0	1 : 2 : 1	0,0500
P3RJ-GA	BrPe0001	154/156	0 : 6 : 4	1 : 2 : 1	0,4406
	BrPe0032	151/153	0 : 10 : 0	1 : 2 : 1	0,0659
P4RJ-CV	BrPe0001	154/156	2 : 12 : 7	1 : 2 : 1	0,5684
	BrPe0032	151/153	0 : 18 : 0	1 : 2 : 1	0,0259

Desvios na segregação Mendeliana podem ocorrer por várias causas como mutações, as que variam entre 10^{-2} a 10^{-6} nucleotídeos por loco por geração (SIA et al., 2000; TACHIDA; IIZUKA, 1992), mudanças no modo de reprodução como apomixia (BRESSAN et al., 2013; NASSAR; COLLEVATTI, 2005), epistasia (MONTAGUTELLI; TURNER; NADEAU, 1996), barreiras reprodutivas (HARUSHIMA et al., 2001), dominância completa e incompleta (DAVIES; COATES; NIELSEN, 1985), entre outros. No presente estudo, considerando que somente um dos dois locos heterozigotos não segregaram de maneira Mendeliana em duas progênies, o desvio poderia ser atribuído ao tamanho pequeno da progênie testada, portanto seria necessário aumentar o número de indivíduos testados, assim como o número de locos heterozigotos.

Nossos resultados foram obtidos a partir da genotipagem com uma seleção de 18 marcadores microssatélites mais informativos que foram validados em 10 acessos de *P. edulis*, que apresentaram PIC entre 0,38 e 0,77, Ho 0,14 a 1,00, e entre 2 a 7 alelos por loco (Tabela 1). Considerando os mesmos marcadores utilizados nas quatro progênies da cultivar BRS MJ, o PIC foi entre 0,04 e 0,44, a Ho de 0,04 a 1,00, e foram observados entre 2 a 5 alelos por loco, afirmando que a técnica é eficiente e os marcadores desenvolvidos são informativos (Tabelas 2-5) (Figuras 3 e 4).

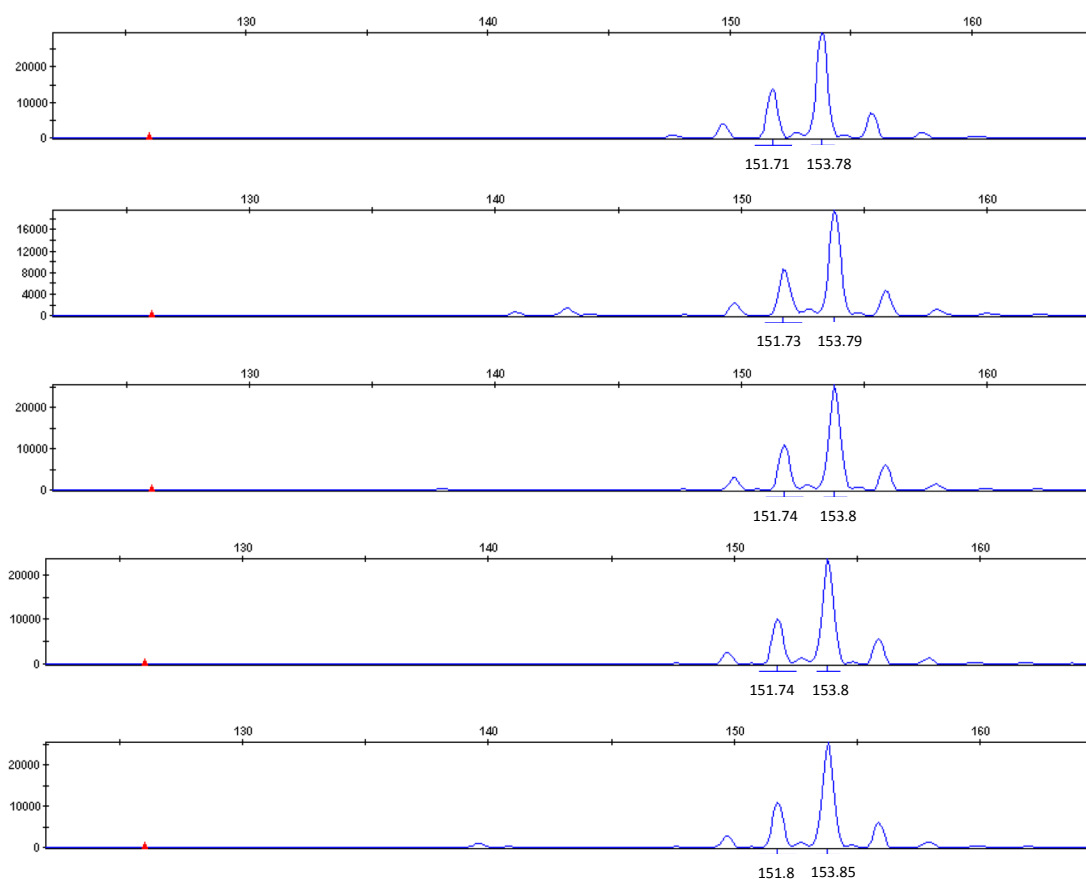


Figura 3. Eletroferograma do loco BrPe0032 nos acessos P4RJ-CV (151/153), P4RJ-CV-2 (151/153), P4RJ-CV-4 (151/153), P4RJ-CV-5 (151/153) e P4RJ-CV-6 (151/153). Alelos em parêntese.

Os resultados das análises do modo de reprodução variaram dependendo do local onde se encontravam as plantas. Para as progênies das plantas P1RJ-RC e P2RJ-RC que estavam no pomar de BRS Rubi do Cerrado, a porcentagem de alogamia foi de 43,5% e 40,9% ($t_m = 0,435$ e $t_m = 0,409$) respectivamente. Na progênie da planta P3RJ-GA que se encontrava em um pomar misto (BRS Gigante Amarelo, BRS Rubi do Cerrado e BRS Sol do Cerrado) a alogamia aumentou para 56,6% ($t_m = 0,566$). Esses resultados indicam que em condições naturais, a cultivar BRS MJ apresenta modo de reprodução misto. Pelo contrário, a progênie da planta P4RJ-CV que se encontrava isolada na casa de vegetação apresentou 0% de alogamia ($t_m = 0,001$) (Tabela 7) o que confirma as observações previamente feitas de que essa cultivar é autocompatível.

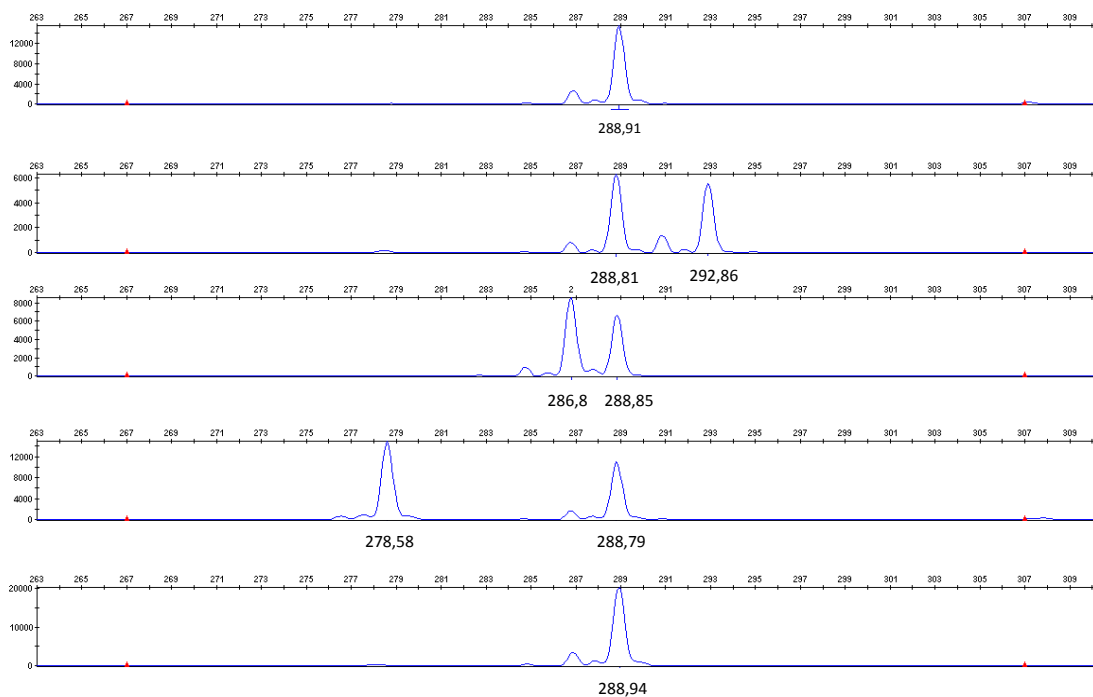


Figura 4. Eletroferograma do loco BrPe0003, acessos P3RJ-GA (289/289), P3RJ-GA-3 (289/293), P3RJ-GA-4 (287/289), P3RJ-GA-7 (279/289), P3RJ-GA-11 (289/289). Alelos em parêntese.

É interessante notar que a maior porcentagem de alogamia foi observada na progênie P3RJ-RC, a que estava no pomar misto. As porcentagens de alogamia foram menores nas progênies das plantas P1RJ-RC e P2RJ-RC localizadas próximas entre si em um pomar da cultivar BRS Rubi do Cerrado.

Os resultados da taxa de cruzamentos entre indivíduos aparentados para as duas progênies P1RJ-RC e P2RJ-RC foi de 26,2% ($t_m-t_s = 0,262$), evidenciando uma baixa ocorrência de cruzamentos entre indivíduos aparentados. A correlação multiloco de paternidade ($r_{p(m)}$) foi muito alta para a progênie P4RJ-RC (0,999) o que confirma que não houve genitores masculinos contribuindo com pólen, e que a progênie está composta por irmãos-completos. Os resultados para a correlação de multiloco de paternidade ($r_{p(m)}$) foi alta para as progênies P2RJ-RC e P3RJ-GA, (0,766 e 0,701) indicando que o número de fontes de pólen foi restrito (RITLAND, 1989).

Tabela 7. Estimação do modo de reprodução de *P. edulis* cultivar BRS MJ em quatro progênies.

Família	t_m	t_s	$(t_m - t_s)$	$r_{p(m)}$	$1 - t_m$
P1RJ-RC	0,435 ± 0,097	0,172 ± 0,058	0,262 ± 0,061	0,314 ± 0,243	0,565
P2RJ-RC	0,409 ± 0,094	0,148 ± 0,069	0,262 ± 0,073	0,766 ± 0,214	0,591
P3RJ-GA	0,566 ± 0,102	1,156 ± 0,114	-0,59 ± 0,086	0,701 ± 0,159	0,434
P4RJ-CV	0,001 ± 0,000	0,001 ± 0,000	0,000 ± 0,000	0,999 ± 0,000	0,999

t_m = taxa de cruzamento multiloco, t_s = taxa de cruzamento uniloco, $(t_m - t_s)$ = taxa de cruzamento entre indivíduos aparentados, $r_{p(m)}$ = correlação multiloco de paternidade, $1 - t_m$ = taxa de autogamia.

Análises similares com marcadores moleculares RAPD em *Passiflora alata* confirmaram, pelo contrário, a ocorrência de autoincompatibilidade, com uma taxa de cruzamento multiloco de $t_m=0,940$ (FERREIRA et al., 2010).

Considerando a frutificação em maracujazeiro-amarelo, em uma cultivar autocompatível, a autogamia resultou em 60% de autopolinização natural mediante insetos, e entre 83% e 92% mediante autopolinização manual (SHIVANNA, 2012). Por outro lado, em maracujazeiro-amarelo autoincompatível, DAS et al. (2013) encontraram que a formação de frutos por autogamia foi de 1,71% a 4,51%, confirmando a autoincompatibilidade.

Na cultivar Gulupa de *P. edulis* RENDÓN et al. (2013) observaram que a formação de frutos por autopolinização natural foi de 28%, e por polinização cruzada, um 68%.

Já em outras espécies, como *P. capsularis* e *P. rubra* foi descrito que ambas as espécies apresentam modo de reprodução misto, mas foi determinado 62,5% e 67,2% de autogamia, respectivamente, utilizando polinização controlada (AMORIM et al., 2011). Em *P. coccinea* foi reportado que não houve frutificação por autogamia (STORTI, 2002).

A análise PCoA mostrou que os 103 indivíduos formaram dois grupos (Figura 5b), o primeiro com os acessos de *P. edulis* utilizados na validação dos marcadores microssatélites (ver Capítulo 1), e o segundo grupo com todos os indivíduos do acesso *P. edulis* cv. BRS MJ (genitores e progênies). Na figura 3c é possível identificar facilmente os indivíduos oriundos de fecundação cruzada de BRS MJ.

Chama a atenção a formação de dois grupos, considerando que todos os acessos pertencem à mesma espécie *P. edulis*. Segundo os resultados dessa pesquisa para o modo de reprodução, a cultivar BRS MJ é autocompatível, podendo apresentar uma taxa de autogamia até de 99,9%. Por outro lado, 9 dos 10 acessos de *P. edulis* utilizados na validação dos marcadores microssatélites apresentam autoincompatibilidade (exceto Gulupa), o que os poderia ter colocado em um grupo diferente. Certamente essas características são importantes na diferenciação dos materiais genéticos, o que levaria a pensar na possibilidade de que a cultivar BRS MJ fosse de uma outra espécie. No gênero *Solanum* seção *Lycopersicum*, por exemplo, em análises filogenéticas com marcadores moleculares tem sido observada uma diferenciação correspondente ao sistema de reprodução (autocompatibilidade *versus* incompatibilidade) e outra à coloração dos frutos (vermelho *versus* verde) (MARSHALL et al., 2001; MILLER; TANKSLEY, 1990)

Por outro lado, a transição de uma espécie alógama para autógama precisa de mutações no sistema de autoincompatibilidade, assim como na morfologia floral (HERMANN; KUHLEMEIER, 2011), cuja herança é controlada por vários genes (CHEN; TANKSLEY, 2004; RICK; DEMPSEY, 1969).

No gênero *Passiflora*, vários estudos taxonômicos foram feitos para atribuir nomes às classes de *P. edulis* que tinham sido observadas segundo a coloração dos frutos (CERVI, 1997; DEGENER, 1932; MASTERS, 1872; SIMS, 1818), mas, finalmente, BERNACCI et al. (2008) concluíram que a nível taxonômico, *P. edulis* é o nome a utilizar para qualquer tipo de planta e cor do maracujazeiro-azedo junto com o nome da cultivar. Entretanto, segundo as evidências obtidas na presente pesquisa, mais estudos são necessários para tentar esclarecer a separação da cultivar BRS MJ do grupo dos acessos de *P. edulis*, considerando que o maracujazeiro-azedo apresenta plantas autocompatíveis quanto autoincompatíveis o que poderia ser uma característica de distinção entre uma espécie para outra.

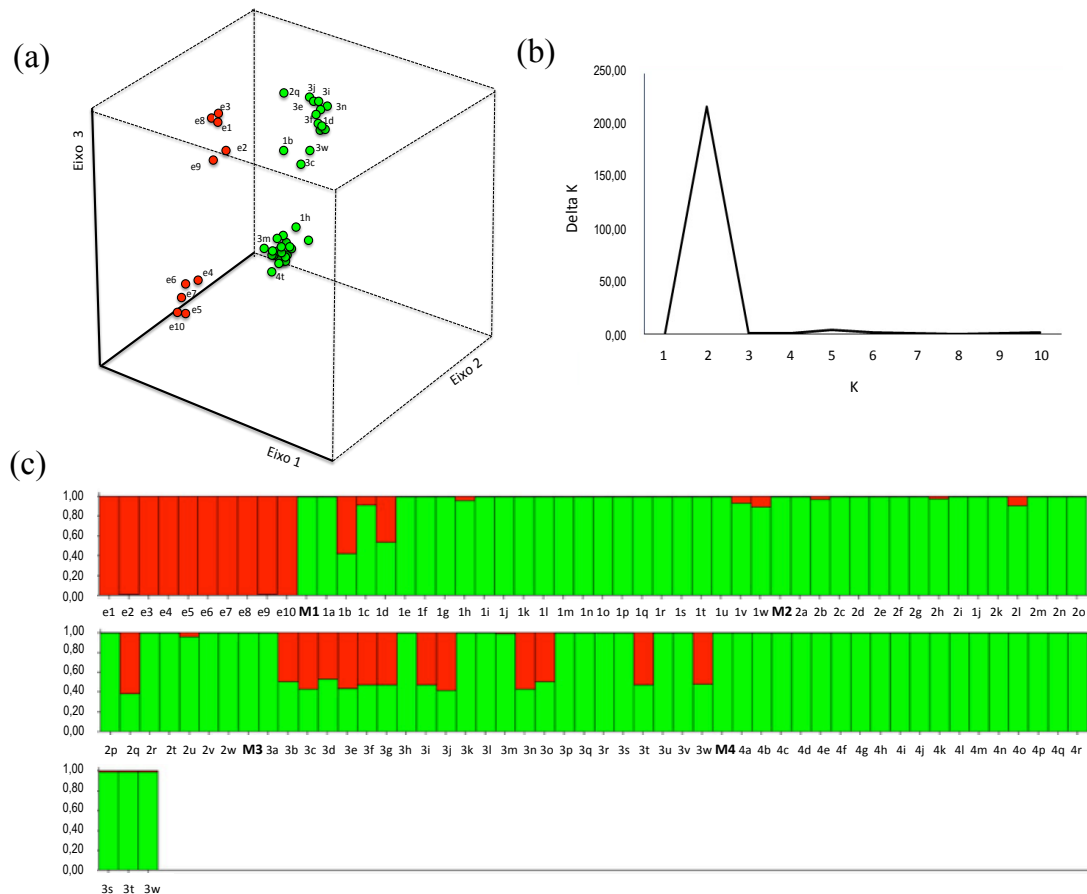


Figura 5. (a) Análise de coordenadas principais de 103 indivíduos (11 acessos) de *P. edulis* baseados no polimorfismo de marcadores microssatélites. Foram avaliados os quatro genitores femininos de BRS MJ (M1, M2, M3, M4) e seus respectivas progênes identificadas com o número do genitor (1-4) em ordem alfabética; (b) Gráfico dos valores K *versus* Delta K para definir o número mais provável de grupos (K) na análise da estrutura da população e coeficiente de ancestralidade dos acessos de *P. edulis*; (c) Acessos foram distribuídos por grupos baseados nos valores de Q ($Q > 0,70$) para $K=2$. As amostras misturadas foram identificadas com duas cores (vermelho e verde).

CONCLUSÕES

Os marcadores microssatélites utilizados foram polimórficos, informativos e eficientes no estudo do modo de reprodução da cultivar BRS MJ, confirmando que a cultivar é autocompatível e que o modo de reprodução seria misto, combinando autogamia e alogamia. Também foi observado que em condições naturais, existe

cruzamento entre indivíduos aparentados, mas que o número de fontes de pólen foi pequeno.

A separação de dois grupos dentro de *P. edulis* nas análises de similaridade, evidencia variabilidade genética intraespecífica e poderia estar relacionada também com o modo de reprodução dos acessos testados.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AMORIM, J. S.; SOUZA, M. M.; VIANA, A. J. C.; FREITAS, J. C. O. Self-, cross- and interespecific pollinations in *Passiflora capsularis* and *P. rubra*. **Revista Brasileira de Botânica**, v. 34, n. 4, p. 537–544, 2011.

BAYE, T.; BECKER, H. C. Natural outcrossing rate in *Vernonia galamensis*. **Plant Breeding**, v. 123, n. 4, p. 398–399, 2004.

BERNACCI, L. C.; SOARES-SCOTT, M. D.; JUNQUEIRA, N. T. V.; JUNQUEIRA, N. T. V.; PASSOS, I. R. S.; MELETTI, L. M. M. *Passiflora edulis* Sims: the correct taxonomic way to cite the yellow passion fruit (and other colors). **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 30, n. 2, p. 566–576, 2008.

BRESSAN, E. A.; SEBBEN, A. M.; FERREIRA, R. R.; LEE, T. S. G.; FIGUEIRA, A. *Jatropha curcas* L. (Euphorbiaceae) exhibits a mixed mating system, high correlated mating and apomixis. **Tree Genetics and Genomes**, v. 9, n. 4, p. 1089–1097, 2013.

BRUCKNER, C. H.; CASALI, V. W. D.; MORAES, C. F.; REGAZZI, A. J.; SILVA, E. A. M. Self-incompatibility in passion fruit (*Passiflora edulis* Sims). **Acta Horticulturae**, n. 370, p. 45–57, 1995.

CERVI, A. C. Passifloraceae do Brasil. Estudo do gênero *Passiflora* L., subgênero *Passiflora*. **Fontqueria**, v. 45, p. 1–92, 1997.

CHANG, C. C. Studies on unfruitfulness of the yellow passion fruits growing in

- Taiwan. **Taiwan Agriculture Quarterly (Tai-Wan nung-yeh)**, v. 10, n. 2, p. 78–89, 1974.
- CHANG, C. C. Breeding of passion fruit. **Plant Breeding Abstracts**, v. 51, n. 6, p. 480, 1981.
- CHASE, M.; KESSELI, R.; BAWA, K. Microsatellite Markers for Population and Conservation Genetics of Tropical Trees. **American Journal of Botany**, v. 83, p. 51–57, 1996.
- CHEN, K.; TANKSLEY, S. D. High-Resolution Mapping and Functional Analysis of se2.1 : A Major Stigma Exsertion Quantitative Trait Locus Associated With the Evolution From Allogamy to Autogamy in the Genus *Lycopersicon*. **Genetics**, v. 168, p. 1563–1573, 2004.
- COLLEVATTI, R. G.; BRONDANI, R. V.; GRATTAPAGLIA, D. Development and characterization of microsatellite markers for genetic analysis of a Brazilian endangered tree species *Caryocar brasiliense*. **Heredity**, v. 83 n. August, p. 748–56, 1999.
- DAS, M. R.; HOSSAIN, T.; MIA, M. A. B.; AHMED, J. U.; KARIMAN, A. J. M. S.; HOSSAIN, M. M. Fruit Setting Behaviour of Passion Fruit. **American Journal of Plant Sciences**, v. 4, n. May, p. 1066–1073, 2013.
- DAVIES, C. S.; COATES, J. B.; NIELSEN, N. C. Inheritance and biochemical analysis of four electrophoretic variants of β -conglycinin from soybean. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 71, n. 2, p. 351–358, 1985.
- DE LORENZIS, G.; IMAZIO, S.; BIAGINI, B.; FAILLA, O.; SCIENZA, A. Pedigree reconstruction of the Italian grapevine aglianico (*Vitis vinifera* L.) from Campania. **Molecular Biotechnology**, v. 54, n. 2, p. 634–642, 2013.
- DEGENER, O. *Passiflora edulis*. **Flora Hawaiiensis**. Honolulu, family 250, 1932.

DOYLE, J.; DOYLE, J. L. Genomic plant DNA preparation from fresh tissue-CTAB method. **Phytochemical Bulletin**, v. 19, n. 11, p. 11–15, 1987.

EVANNO, G.; REGNAUT, S.; GOUDET, J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. **Molecular Ecology**, v. 14, n. 8, p. 2611–2620, 2005.

FALEIRO, F. G.; FALEIRO, A. S. G.; CORDEIRO, M. C. R.; KARIA, C. T. **Metodologia para operacionalizar a extração de DNA de espécies nativas do cerrado**. Comunicado Técnico. Planaltina, DF, 2003.

FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N. T. V.; BRAGA, M. F.; OLIVEIRA, E. J.; PEIXOTO, J. R.; COSTA, A. M. Germoplasma e melhoramento do maracujazeiro - histórico e perspectivas. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF. 2011.

FERREIRA, T. G. T.; PENHA, H. A.; ZUCCHI, M. I.; SANTOS, A. A.; HANAI, L. R.; JUNQUEIRA, N. T. V.; BRAGA, M. F.; VENCOSKY, R.; VIEIRA, M. L. C. Outcrossing rate in sweet passion fruit based on molecular markers. **Plant Breeding**, v. 129, n. 6, p. 727–730, 2010.

FREEMAN, G. H.; HALTON, J. H. Note on exact treatment of contingency, goodness of fit and other problems of significance. **Biometrika**, v. 34, p. 141–149, 1951.

HARUSHIMA, Y.; NAKAGAHARA, M.; YANO, M.; SASAKI, T.; KURATA, N. A genome-wide survey of reproductive barriers in an intraspecific hybrid. **Genetics**, v. 159, n. 2, p. 883–892, 2001.

HERMANN, K.; KUHLEMEIER, C. The genetic architecture of natural variation in flower morphology. **Current Opinion in Plant Biology**, v. 14, n. 1, p. 60–65, 2011.

ISHIHATA, K. Studies on the morphology of flowering organs and the fruit bearing in purple passion fruit, *Passiflora edulis* Sims. **Japanese Journal of Tropical Agriculture** v. 31, p. 7–11, 1981.

JUNQUEIRA, N. T. V.; BRAGA, M. F.; FALEIRO, F. G.; PEIXOTO, J. R.; BERNACCI, J. C.; Potencial de espécies silvestres de maracujazeiro como fonte de resistência a doenças. In: FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N. T. V.; BRAGA, M. F. (Eds.). **Maracujá: germoplasma e melhoramento genético**. Planaltina DF: Embrapa Cerrados, 2005. p. 81–108.

LITT, M.; LUTY, J. A. A Hypervariable Microsatellite Revealed by In Vitro Amplification of a Dinucleotide Repeat within the Cardiac Muscle Actin Gene. **American Journal of Human Genetics**, v. 44, p. 397–401, 1989.

LOWRY, R. **VassarStats: website for statistical computation**. Vassar College, 2004.

MARSHALL, J. A.; KNAPP, S.; DAVEY, M. R.; POWER, J. B.; COCKING, E. C.; BENNETT, M. D.; COX, A. V. Molecular systematics of Solanum section Lycopersicum (Lycopersicon) using nuclear ITS rDNA region. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 103, p. 1216–1222, 2001.

MARSHALL, T. C.; SLATE, J.; KRUUK, L. E. B.; PEMBERTON, J. M. Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. **Molecular Ecology**, v. 7, p. 639–655, 1998.

MASTERS, M. T. Passifloraceae. In: MARTIUS, C. F. P.; EICHLER, A. G.; URBAN, I. (Eds.). **Flora Brasiliensis**. Lipsiae: Fed. p. v.13, 527-628.

MATSCHINER, M.; SALZBURGER, W. TANDEM: Integrating automated allele binning into genetics and genomics workflows. **Bioinformatics**, v. 25, n. 15, p. 1982–1983, 2009.

MELETTI, L. M. M.; SOARES-SCOTT, M. D.; BERNACCI, L. C. Caracterização fenotípica de três seleções de maracujazeiro-roxo (*Passiflora edulis* Sims). **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 27, n. 2, p. 268–272, 2005.

MILLER, J. C.; TANKSLEY, S. D. RFLP analysis of phylogenetic relationships and

genetic variation in the genus *Lycopersicon*. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 80, n. 4, p. 437–448, 1990.

MONTAGUTELLI, X.; TURNER, R.; NADEAU, J. H. Epistatic control of non-Mendelian inheritance in mouse interspecific crosses. **Genetics**, v. 143, n. 4, p. 1739–1752, 1996.

NASSAR, N. M. A.; COLLEVATTI, R. G. Microsatellite markers confirm high apomixis level in cassava bred clones. **Hereditas**, v. 142, n. 33–37, 2005.

OCAMPO, J. D'ECKENRUGGE, J. C.; RESTREPO, M.; JARVIS, A.; SALAZAR, M.; CAETANO, C. Diversity of Colombian Passifloraceae: biogeography and updated list for conservation. **Biota Colombiana**, v. 8, n. 1, p. 1–45, 2007.

OLIVEIRA, J. C.; RUGGIERO, C. Espécies de maracujá com potencial agrônômico. In: FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N. T. V.; BRAGA, M. F. (Eds.). **Maracujá: germoplasma e melhoramento genético**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2005. p. 143–158.

POWELL, W.; MORGANTE, M.; ANDRE, C.; HANAFEY, M.; VOGEL, J.; TINGEY, S.; RAFALSKI, A. The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis. **Molecular Breeding**, v. 13, p. 391–393, 1996.

PRITCHARD, J. K.; STEPHENS, M.; DONNELLY, P. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. **Genetics**, v. 155, n. 2, p. 945–959, 2000.

PRITCHARD, J. K.; WEN, X.; FALUSH, D. **Documentation for structure software: Version 2.3**. Chicago, IL. University of Chicago, 2010. Disponível em: <http://pritch.bsd.uchicago.edu/software/readme_structure2.pdf>

RÊGO, M. M. **Genética, interação pólen-pistilo e expressão de proteínas na auto-incompatibilidade do maracujazeiro (*Passiflora edulis* Sims)**. Universidade Federal de Viçosa, 1997.

RENDÓN, J. S.; OCAMPO, J.; URREA, R. Estudio sobre polinización y biología floral en *Passiflora edulis* f. *edulis* Sims, como base para el premejoramiento genético. **Acta Agronómica**, v. 62, n. 3, p. 232–241, 2013.

RICK, C. M.; DEMPSEY, W. H. Position of the stigma in relation to fruit setting of tomato. **Botanical Gazette**, v. 130, p. 180–186, 1969.

RITLAND, K. Correlated mating in the partial selfer *Mimulus guttatus*. **Evolution**, v. 43, n. 4, p. 848–859, 1989.

RITLAND, K. Systems Using N Independent Loci. **Heredity**, v. 88, p. 221–228, 2002.

ROHLF, F. **Numerical taxonomy and multivariate analysis system (NTSYS-pc)**. New York Department of Ecology and Evolution, 1990.

SCHUELER, S.; TUSCH, A.; SCHUSTER, M.; ZIEGENHAGEN, B. Characterization of microsatellites in wild and sweet cherry (*Prunus avium* L.)--markers for individual identification and reproductive processes. **Genome**, v. 46, p. 95–102, 2003.

SHIVANNA, K. R. Reproductive assurance through unusual autogamy in the absence of pollinators in *Passiflora edulis* (passion fruit). **Current Science**, v. 103, p. 1091–1096, 2012.

SIA, E. A. BUTLER, C. A.; DOMINSKA, M.; GREENWELL, P.; FOX, T. D.; PETES, T. D. Analysis of microsatellite mutations in the mitochondrial DNA of *Saccharomyces cerevisiae*. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 97, n. 1, p. 250–255, 2000.

SIMS, J. *Passiflora edulis*. **Botanical Magazine**, Londres, v. 45, 1818.

STORTI, E. F. Biologia da polinização e sistema reprodutivo de *Passiflora coccinea* Aubl. em Manaus, Amazonas, Brasil. **Acta Amazonica**, v. 32, n. 3, p. 421–429, 2002.

SUASSUNA, T. M. F.; BRUCKNER, C. H.; CARVALHO, C. R.; BORÉM, A. Self-incompatibility in passion fruit: evidence of gametophytic-sporophytic control. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 106, p. 298–302, 2003.

TACHIDA, H.; IIZUKA, M. Persistence of repeated sequences that evolve by replication slippage. **Genetics**, v. 131, n. 2, p. 471–478, 1992.

VOUILLAMOZ, J.; MAIGRE, D.; MEREDITH, C. P. Microsatellite analysis of ancient alpine grape cultivars: Pedigree reconstruction of *Vitis vinifera* L. “Cornalin du Valais”. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 107, n. 3, p. 448–454, 2003.

ANEXO

Alelos dos 16 locos de microssatélites utilizados na análise do modo de reprodução da cultivar BRS Maracujá Jaboticaba de *P. edulis*. Alelos em pb.

Indivíduo	BrPe0001	BrPe0002	BrPe0003	BrPe0006	BrPe0010	BrPe0021	BrPe0024	BrPe0028	BrPe0031	BrPe0032	BrPe0033	BrPe0034	BrPe0038	BrPe0042	BrPe0043	BrPe3011
PIRJ-RC	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
PIRJ-RC-1	156/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
PIRJ-RC-2	154/154	0/0	279/289	193/197	0/0	0/0	0/0	99/105	145/145	0/0	0/0	0/0	155/157	148/156	0/0	159/165
PIRJ-RC-3	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	154/156	206/206	165/165
PIRJ-RC-4	156/156	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	99/105	145/147	0/0	0/0	0/0	155/157	150/156	0/0	165/165
PIRJ-RC-5	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
PIRJ-RC-6	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
PIRJ-RC-7	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/147	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
PIRJ-RC-8	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	0/0	226/226	99/99	145/147	151/153	252/252	213/213	155/157	156/156	206/206	165/165
PIRJ-RC-9	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
PIRJ-RC-10	154/154	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
PIRJ-RC-11	0/0	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	0/0	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
PIRJ-RC-12	156/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
PIRJ-RC-13	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165

Indivíduo	BrPe0001	BrPe0002	BrPe0003	BrPe0006	BrPe0010	BrPe0021	BrPe0024	BrPe0028	BrPe0031	BrPe0032	BrPe0033	BrPe0034	BrPe0038	BrPe0042	BrPe0043	BrPe3011
P1RJ-RC-14	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	143/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P1RJ-RC-15	156/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P1RJ-RC-16	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P1RJ-RC-17	156/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/147	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P1RJ-RC-18	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	143/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P1RJ-RC-19	156/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P1RJ-RC-20	156/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P1RJ-RC-21	156/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P1RJ-RC-22	156/160	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	0/0	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	200/206	165/165
P1RJ-RC-23	154/156	171/187	289/289	197/197	205/205	162/172	226/226	99/99	143/145	0/0	0/0	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P2RJ-RC	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/147	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P2RJ-RC-1	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P2RJ-RC-2	154/160	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P2RJ-RC-3	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	135/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P2RJ-RC-4	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P2RJ-RC-5	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P2RJ-RC-6	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	135/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165

Indivíduo	BrPe0001	BrPe0002	BrPe0003	BrPe0006	BrPe0010	BrPe0021	BrPe0024	BrPe0028	BrPe0031	BrPe0032	BrPe0033	BrPe0034	BrPe0038	BrPe0042	BrPe0043	BrPe3011
P2RJ-RC-7	156/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P2RJ-RC-8	156/162	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	135/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P2RJ-RC-9	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P2RJ-RC-10	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/147	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	0/0	165/165
P2RJ-RC-11	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P2RJ-RC-12	154/156	187/187	289/289	191/197	197/205	172/172	226/226	99/99	145/147	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P2RJ-RC-13	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	143/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P2RJ-RC-14	0/0	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P2RJ-RC-15	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P2RJ-RC-16	0/0	0/0	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	143/145	0/0	252/252	0/0	155/155	156/156	206/206	165/165
P2RJ-RC-17	154/154	0/0	287/289	0/0	205/207	0/0	226/232	99/105	147/147	0/0	242/252	213/227	155/157	150/156	0/0	159/165
P2RJ-RC-18	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/147	0/0	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P2RJ-RC-20	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P2RJ-RC-21	156/156	175/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/147	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P2RJ-RC-22	156/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P2RJ-RC-23	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/147	151/153	0/0	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P3RJ-GA	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	0/0	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165

Indivíduo	BrPe0001	BrPe0002	BrPe0003	BrPe0006	BrPe0010	BrPe0021	BrPe0024	BrPe0028	BrPe0031	BrPe0032	BrPe0033	BrPe0034	BrPe0038	BrPe0042	BrPe0043	BrPe3011
P3RJ-GA-1	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	0/0	151/153	252/252	213/213	155/155	0/0	206/206	165/165
P3RJ-GA-2	156/156	181/187	289/289	197/197	205/207	164/172	226/232	99/105	0/0	151/153	242/252	213/217	155/157	152/156	200/206	159/165
P3RJ-GA-3	156/156	181/187	289/293	195/197	203/205	164/172	226/232	99/103	0/0	151/153	244/252	213/225	155/157	152/156	206/220	159/165
P3RJ-GA-4	154/154	181/187	287/289	197/197	203/205	164/172	226/230	99/105	0/0	151/153	252/252	213/217	155/157	152/156	200/206	159/165
P3RJ-GA-5	154/154	181/187	287/289	197/199	205/207	164/172	226/230	99/105	0/0	151/153	242/252	213/217	155/157	150/156	200/206	159/165
P3RJ-GA-6	156/156	181/187	287/289	197/197	203/205	164/172	226/230	99/103	0/0	151/153	242/252	213/217	155/157	152/156	206/214	159/165
P3RJ-GA-7	156/156	181/187	279/289	197/197	203/205	164/172	226/230	99/105	0/0	151/153	242/252	213/225	155/157	150/156	200/206	159/165
P3RJ-GA-8	156/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	0/0	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P3RJ-GA-9	156/156	181/187	287/289	197/197	205/207	164/172	226/230	99/105	0/0	151/153	242/252	213/217	155/157	150/156	200/206	159/165
P3RJ-GA-10	154/154	181/187	287/289	197/199	205/207	164/172	226/230	99/105	0/0	0/0	242/252	213/217	155/157	150/156	200/206	159/165
P3RJ-GA-11	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	0/0	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P3RJ-GA-12	156/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	0/0	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P3RJ-GA-13	154/162	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	0/0	0/0	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P3RJ-GA-14	156/156	181/187	287/289	197/199	203/205	164/172	226/230	99/105	0/0	151/153	242/252	213/217	155/157	152/156	200/206	159/165
P3RJ-GA-15	156/156	181/187	289/289	197/197	203/205	164/172	226/230	99/105	0/0	151/153	242/252	213/225	155/157	152/156	206/208	159/165
P3RJ-GA-16	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	0/0	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P3RJ-GA-17	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	0/0	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165

Individuo	BrPe0001	BrPe0002	BrPe0003	BrPe0006	BrPe0010	BrPe0021	BrPe0024	BrPe0028	BrPe0031	BrPe0032	BrPe0033	BrPe0034	BrPe0038	BrPe0042	BrPe0043	BrPe3011
P3RJ-GA-18	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	0/0	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P3RJ-GA-19	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	0/0	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P3RJ-GA-20	156/156	181/187	287/289	197/197	203/205	164/172	226/230	99/103	0/0	151/153	242/252	213/217	155/157	152/156	206/214	159/165
P3RJ-GA-21	156/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	0/0	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P3RJ-GA-22	156/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	0/0	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P3RJ-GA-23	156/156	0/0	287/289	195/197	203/205	164/172	226/232	99/103	0/0	151/153	252/252	213/217	155/157	152/156	206/214	159/165
P4RJ-CV	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P4RJ-CV-1	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P4RJ-CV-2	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P4RJ-CV-3	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P4RJ-CV-4	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	200/206	165/165
P4RJ-CV-5	156/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P4RJ-CV-6	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P4RJ-CV-7	156/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P4RJ-CV-8	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P4RJ-CV-9	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P4RJ-CV-10	156/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165

Individuo	BrPe0001	BrPe0002	BrPe0003	BrPe0006	BrPe0010	BrPe0021	BrPe0024	BrPe0028	BrPe0031	BrPe0032	BrPe0033	BrPe0034	BrPe0038	BrPe0042	BrPe0043	BrPe3011
P4RJ-CV-11	156/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P4RJ-CV-12	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P4RJ-CV-13	154/154	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P4RJ-CV-14	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P4RJ-CV-15	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P4RJ-CV-16	154/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P4RJ-CV-17	156/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	143/145	0/0	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P4RJ-CV-18	156/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P4RJ-CV-19	156/156	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	0/0	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P4RJ-CV-20	154/154	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	0/0	0/0	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165
P4RJ-CV-23	154/154	187/187	289/289	197/197	205/205	172/172	226/226	99/99	145/145	151/153	252/252	213/213	155/155	156/156	206/206	165/165

**CAPÍTULO 3. ANÁLISE DE PATERNIDADE EM GENÓTIPOS DE
PASSIFLORA OBTIDOS A PARTIR DE CRUZAMENTOS
INTERESPECÍFICOS UTILIZANDO MARCADORES MICROSSATÉLITES**

**CHAPTER 3. PATERNITY ANALYSIS OF *PASSIFLORA* GENOTYPES
OBTAINED FROM INTERESPECIFIC CROSSES USING MICROSATELLITE
MARKERS**

RESUMO

Espécies silvestres de *Passiflora* têm um grande potencial na utilização de cruzamentos interespecíficos para a introdução de características desejáveis nas cultivares comerciais. Considerando que a confirmação de cruzamentos é parte importante de um programa de melhoramento, o objetivo desse trabalho foi comprovar as genealogias de cruzamentos interespecíficos em *Passifloras* realizando análises de paternidade com o auxílio de marcadores microssatélites. Foram analisados os genitores de cruzamentos de quatro genealogias (A, B, C e D) segundo a Inclusão ou Exclusão Categóricas para cada loco, e então calculados os Índice de Paternidade (PI) e a Probabilidade de Paternidade (W) para os verdadeiros genitores segundo o trio *genitor feminino, progênie e suposto genitor masculino*, e na ausência de um dos genitores, os mesmos índices foram calculados segundo o duo *genitor e progênie*. Os marcadores microssatélites testados auxiliaram na exclusão de 7 supostos genitores de 6 cruzamentos em 4 genealogias, e confirmaram como genitores verdadeiros a 5 dos supostos genitores, onde W foi entre 95,137 e 99,999%. Neste estudo foi confirmada a obtenção do híbrido *P. edulis* GA2 x *P. incarnata*.

Palavras-chave: *Passiflora*, microssatélites, paternidade, cruzamentos interespecíficos, melhoramento de plantas

ABSTRACT

Wild species of *Passiflora* have great potential for use in interspecific crosses to introduce desirable traits in commercial cultivars. Considering that the verification of crossing is essential in a breeding program, the target of this work was to confirm the genealogies of interspecific crosses in *Passiflora*, making paternity tests using SSR markers. We analyzed the genitors from interspecific crosses of four genealogies (A, B, C and D) by Categorical Inclusion or Exclusion for each loci, and then, estimated the Paternity Index (PI) and the Probability of Paternity (W) for the true genitor, according to the trio *female genitor, progeny and alleged masculine genitor*, and in the absence of one of the parents, the same values were calculated according to the duo *genitor and progeny*. Microsatellite markers tested assisted for the exclusion of 7 alleged genitors of 6 crossings in 4 genealogies, and confirmed as true genitors 5 alleged genitors, where W was rated between 95.137 and 99.999%. This research confirms the achievement of sexual hybrids for interspecific crossing of *P. edulis* GA2 x *P. incarnata*.

Key words: *Passiflora*, microsatellites, paternity, interspecific crosses, plant breeding.

INTRODUÇÃO

O gênero *Passiflora*, amplamente distribuído no mundo, tem sido encontrado nas Américas, na Índia, nas Ilhas Galápagos, na Austrália, nas Filipinas e em muitas outras ilhas do Oceano Pacífico. Entretanto, 95% das espécies endêmicas encontram-se na América do Sul (VANDERPLANK, 2000). No total, estima-se que o número de espécies do gênero *Passiflora* seja maior do que 500 (FEUILLET, 2004), mas ainda novas espécies continuam sendo identificadas (CERVI, 2005; CERVI; LINSINGEN, 2010; IMIG; CERVI, 2014).

Dentro das muitas espécies de *Passiflora*, a que possui maior destaque é *Passiflora edulis* Sims, devido a seu uso na produção de frutos, tanto para consumo *in natura*, quanto para a indústria alimentar na fabricação de sucos e polpas (SOUZA; MELETTI, 1997). As passifloras também tem sido usadas para propósitos ornamentais (PEIXOTO, 2005), medicinais (COSTA; TUPINAMBÁ, 2005) e como fonte de óleos para a indústria cosmética (ZERAİK et al., 2010).

Considerando a importância dessa cultura e seus principais usos, programas de melhoramento genético tem realizado cruzamentos inter e intraespecíficos utilizando espécies como *P. setacea*, *P. quadrifaria*, *P. incarnata*, entre outras, para a introdução de características desejáveis nas cultivares comerciais (MELETTI et al., 2005). Alguns dos híbridos interespecíficos obtidos tem apresentado problemas de desenvolvimento, esterilidade masculina, baixa viabilidade polínica ou dificuldade em florescer, o que dificulta a realização de ciclos de retrocruzamento para recompor o vigor natural das plantas e as características interessantes para comercialização, o que no fim torna o programa de melhoramento mais demorado (MELETTI; BRUCKNER, 2001).

No melhoramento genético, marcadores moleculares têm sido uma excelente ferramenta para auxiliar na seleção de genótipos, na redução de ciclos de melhoramento, na caracterização do germoplasma, na análise de diversidade, na confirmação de cruzamentos e nos testes de paternidade. Por exemplo, no programa de melhoramento das Passifloras, FALEIRO et al., (2005) utilizaram marcadores moleculares RAPD para confirmar o sucesso da fecundação cruzada e a recuperação do genoma recorrente em sucessivos retrocruzamentos com *P. edulis* após a geração de

híbridos. Também, RAPD tem sido usado na confirmação de hibridações interespecíficas entre várias espécies de *Passifloras* (JUNQUEIRA et al., 2008).

Contudo, marcadores microssatélites ou SSR (Sequências Simples Repetidas) são os marcadores mais utilizados em testes de paternidade (LEE et al., 2000; YAMAMOTO et al., 2003), reconstituição de pedigree (VOUILLAMOZ; MAIGRE; MEREDITH, 2003), mapeamento físico e genético de genomas (PUGH et al., 2004), como também em análises de variabilidade genética de populações (SIMIC et al., 2009), devido a que microssatélites encontram-se localizados em diferentes cromossomo, o que permite assegurar a distribuição aleatória e a herança Mendeliana (Lei da Segregação Independente) (BUCKLETON; CLAYTON; TRIGSS, 2005).

Microssatélites são sequências de 1 a 6 nucleotídeos, chamados de motivos, repetidos em tandem (LITT; LUTY, 1989) e estão presentes em regiões codificadoras e não codificadoras dos genomas eucarióticos e procarióticos (FIELD; WILLS, 1996). Inicialmente, marcadores microssatélites foram desenvolvidos em humanos (LITT; LUTY, 1989) e então, vários estudos foram realizados em plantas que demonstraram que são amplamente distribuídos nos seus genomas (BRUNEL, 1994). As vantagens do uso de microssatélites sobre outros marcadores moleculares nas análises de paternidade é que estes são codominantes, têm alta reprodutibilidade, a PCR é simples e rápida, é preciso uma pequena quantidade de DNA, têm baixo custo de utilização, grande poder de resolução e altos níveis de polimorfismo onde, por exemplo, um loco pode apresentar vários alelos, e na maioria dos casos, um indivíduo pode ser excluído como genitor verdadeiro usando poucos locos (BUCKLETON; CLAYTON; TRIGSS, 2005).

O objetivo principal desse trabalho foi confirmar as genealogias de cruzamentos interespecíficos em *Passifloras* realizando análises de paternidade com auxílio de marcadores microssatélites.

MATERIAL E MÉTODOS

Material vegetal

Os cruzamentos foram realizados no Banco Ativo de Germoplasma 'Flor da Paixão' da Embrapa Cerrados e as análises moleculares no Laboratório de Genética

Vegetal da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Cenargen. Foram analisadas quatro genealogias (A, B, C e D), com seus respectivos cruzamentos (Tabela 1) e seus prováveis genitores.

Nos casos em que não se encontrava disponível algum dos acessos, se fez uma reconstituição dos genótipos segundo herança Mendeliana, para determinar o genótipo esperado.

Os genitores iniciais das genealogias foram: o híbrido interespecífico BRS Rósea Púrpura proveniente de cruzamentos entre as espécies *P. setacea*, *P. quadrifaria* e *P. incarnata*, o híbrido interespecífico BRS Céu do Cerrado, proveniente de cruzamentos entre as espécies *P. incarnata* e *P. edulis* GA2, os acessos de *P. edulis* GA2 e *P. edulis* MA provenientes de seleção massal, um acesso da espécie *P. incarnata* e um acesso de *Passiflora* aff. *amethystina* "macrocarpa", ambos silvestres (Tabela 1).

Tabela 1. Cruzamentos e prováveis genitores de quatro genealogias.

G	C	CA	Genitor Feminino		Genitor Masculino		Progênie
A	1°		BRS Rósea púrpura	x	<i>P. edulis</i> GA2	=	F1RPGA2_R
	2°	*	F1RPGA2_R	x	<i>P. edulis</i> MA	=	F1RPGA2MA
B	1°		<i>P. edulis</i> GA2	x	<i>P. incarnata</i>	=	F1GA2Pi_R
	2°	*	F1GA2Pi_R	x	<i>P. edulis</i> GA2	=	F1GA2PiRC1
	3°	*	F1GA2PiRC1	x	<i>P. edulis</i> GA2	=	F1GA2PiRC2
C	1°		<i>P. aff. amethystina</i>	x	<i>P. edulis</i> GA2	=	F1PAGA2_R
	2°	*	F1PAGA2_R	x	<i>P. edulis</i> GA2	=	F1PAGA2RC1
	3°	*	F1PAGA2RC1	x	<i>P. edulis</i> GA2	=	F1PAGA2RC2
D	1°	*	BRS Céu Do Cerrado	x	<i>P. edulis</i> MA	=	F1CCMA

G: genealogia; C: cruzamento; CA: cruzamentos analisados para teste de paternidade; R: reconstituído

Os cruzamentos foram realizados no BAG da Embrapa Cerrados. Os botões florais das plantas que foram escolhidas como genitores femininos, foram protegidos com sacos de papel branco antes da antese, e então emasculados. Na manhã seguinte foi coletado o pólen do genitor masculino e realizada a hibridação artificial. As flores foram novamente protegidas até o desenvolvimento completo do fruto. Assim que os

frutos ficaram amadurecidos, eles foram coletados e retiradas as sementes para serem semeadas em bandejas de poliestireno. Foi selecionada somente uma planta por cruzamento com as características desejáveis para a continuação da etapa de melhoramento. As plantas foram clonadas para a manutenção dos acessos.

Extração de DNA e genotipagem

Folhas em estágio intermediário de maturação de cada genótipo foram coletadas para a extração de DNA utilizando o método CTAB (DOYLE; DOYLE, 1987) com modificações de FALEIRO et al. (2003). As concentrações de DNA foram medidas no espectrofotômetro Nanodrop 2000 (Thermo Scientific, USA), e as amostras de DNA foram diluídas em TE pH 8,0 para uma concentração final de 5 η g/ μ L. Para os testes de paternidade, foram utilizados 18 marcadores microssatélites polimórficos que foram previamente desenhados e validados para *P. edulis* no Capítulo 1 (Tabela 2).

As reações de PCR foram realizadas em um volume total de 5 μ L que continham 5 η g de DNA genômico, 1X de QIAGEN Multiplex PCR Kit Master Mix (QIAGEN), 0,5X Q-Solution (QIAGEN), e 0,2 μ M de cada *primer*. As reações de PCR foram realizadas no termociclador Veriti™ (Applied Biosystems, USA) usando o seguinte programa de amplificação: 95°C por 15 minutos; 35 ciclos a 94°C por 30 segundos, 55, 57 ou 60°C por 90 segundos, e 72°C por 60 segundos; e uma extensão final a 60°C por 60 minutos.

Foram adicionados 9 μ L de Hi-Di™ Formamida (Applied Biosystems, USA) mais um padrão de tamanho marcado com o fluoróforo ROX, para 1 μ L do produto da PCR, e então desnaturado a 94°C por 5 minutos, para logo ser injetado no sequenciador automático ABI3730 (Applied Biosystems, USA). As análises da genotipagem foram realizadas no *software* GeneMapper® (Applied Biosystems, USA).

Tabela 2. Estatísticas da seleção de 18 marcadores microssatélites polimórficos que foram validados em *P. edulis* no Capítulo 1.

Painel	Marcador	Dye	Sequência do <i>primer</i> 5'-3'	Motivo	Ta	N	Tamanho alelos bp	He	Ho	PIC
1	BrPe0001	6-Fam	F:GTTGAGAGGATTGTGTTTG R: ATGGTAGAGGAGGAGAGA	(CT) ₁₄	55°C	3	143-157	0,56	0,14	0,46
	BrPe0028	Hex	F:CAAAAGGAACAGGAAGA R: GAAAAGAGAGAAAAGACAGAGA	(TA) ₆	55°C	5	90-110	0,80	0,50	0,72

Painel	Marcador	Dye	Sequência do <i>primer</i> 5'-3'	Motivo	Ta	N	Tamanho alelos bp	He	Ho	PIC
2	BrPe0002	Hex	F:AAAGCCCAGATGAAGTGAA R:GGCTCCAATCAGAAGTGT	(AG) ₁₂	55°C	3	177-185	0,69	0,56	0,58
	BrPe0024	6-Fam	F:CCCTACCTTTCTCTGCTT R:CATCTCCTCTATCTCCTTC	(TC) ₇	55°C	4	221-231	0,76	0,70	0,68
3	BrPe0003	6-Fam	F:CTTCTCTCCCTATACCC R:CCCTCCATAATCACATAAC	(TC) ₁₁	55°C	5	277-291	0,70	0,40	0,62
	BrPe0006	6-Fam	F:AAGGAAAAGAACAGCCTCA R:CGCTCTCAAATCAGTCAAA	(TC) ₁₀	55°C	4	193-199	0,68	0,40	0,59
	BrPe0010	Hex	F:GAAGAAAAAAGGGCTTG R:GTTAGGGTTGGAGGA	(TC) ₉	55°C	4	199-207	0,71	0,50	0,60
4	BrPe0031	6-Fam	F:AGGTCGGTGGGTGTGTTAG R:CATTCAACTCCCCAAAAGGT	(TA) ₉	60°C	5	134-150	0,77	0,67	0,67
	BrPe0036	Hex	F:TCGGACCTTAAAACCGAGAA R:CAGCACCAAAAATTGACGAG	(TC) ₆	60°C	4	197-203	0,65	0,10	0,54
5	BrPe0032	6-Fam	F:TTGCACAATGACCAATGTTGT R:CTGAGCACCTTGTCAAAATACA	(AT) ₁₃	60°C	7	137-157	0,84	1,00	0,77
	BrPe0034	Hex	F:CCTGTGGTGAAAATGGAACC R:GAGCCCTGGACTGACACATT	(CT) ₁₅	60°C	2	217-227	0,56	1,00	0,38
6	BrPe0038	6-Fam	F:TTTCAACTTTTCGTGTGTGC R:TGTTGTGCTTGGAAAGGATG	(AT) ₆	60°C	5	154-176	0,73	0,60	0,64
	BrPe3011	Hex	F:CCGGTCTTCCTGATTGACTC R:CCTCTCTCACCTGGAAGTGC	(TTC) ₄	60°C	3	157-163	0,62	0,30	0,50
NP	BrPe0014	6-Fam	F:AATATGGCTGGGAAAAAC R:TTCCGTCTTTGGACCTT	(AG) ₇	57°C	5	215-227	0,75	0,50	0,67
	BrPe0021	6-Fam	F:ACTTCCTCATCATTCG R:GCTATGCCTCTTTTTG	(TA) ₇	55°C	3	158-164	0,67	0,25	0,56
	BrPe0033	Hex	F:GCCATGAGAGACTTGGGAGA R:CGGTTGCCAAAAGAAGAGA	(AT) ₈	60°C	5	237-249	0,72	0,30	0,65
	BrPe0042	6-Fam	F:CATGCATTCATTTGTTTTCTTG R:GATGCTGGGAAAAAGAGTGC	(AT) ₈	60°C	6	142-160	0,71	0,80	0,63
	BrPe0043	Hex	F:TCATACATGGATGTCAAATCGATAC R:GCGGACCAAGAAAATTCAAA	(AT) ₈	60°C	4	199-207	0,71	0,50	0,60
						Média	4,24	0,70	0,51	0,60

F: *primer forward*; R: *primer reverse*; T_a: temperatura de anelamento; N: número de alelos; Ho: heterozigosidade observada; He: heterozigosidade esperada; PIC: conteúdo de informação polimórfica, NP: não painel.

Binagem e frequências alélicas

Para a binagem e o cálculo de frequências alélicas foram utilizados 22 acessos (10 de *P. edulis* utilizados na validação dos marcadores microssatélites no Capítulo 1, e 12 indivíduos dos cruzamentos que foram analisados nesse Capítulo). Os alelos foram binados no *software* Tandem (MATSCHINER; SALZBURGER, 2009) e as frequências alélicas dos locos foram obtidas mediante o *software* Cervus (Tristan Marshall 1998-2014) (MARSHALL et al., 1998)

Análise de paternidade

Alelos de todos os locos analisados foram comparados entre o suposto genitor feminino e a progênie, e entre o suposto genitor masculino e a progênie para cada cruzamento, segundo herança Mendeliana, determinando-se a sua Inclusão ou Exclusão Categóricas. Quando houve duas ou mais Exclusões Categóricas, o suposto genitor foi eliminado como o verdadeiro genitor segundo protocolo da AMERICAN ASSOCIATION OF BLOOD BANKS (AABB, 2004). Quando houve uma ou nenhuma Exclusão Categórica, isto é, quando tivemos Inclusões Categóricas para todos os locos ou todos os locos menos um, foram calculados: o Índice de Paternidade (PI) e a Probabilidade de Paternidade (W) para o genitor masculino segundo o trio *genitor feminino, progênie e suposto genitor masculino* (Tabela 3). Na ausência de um dos genitores, foi calculado o PI e a W segundo o duo *genitor e progênie* (Tabela 4).

Tabela 3. Distribuição do Índice de Paternidade (PI) para todas as combinações que não excluem os genótipos maternos e paternos (LEE et al., 2000).

Genótipo genitor feminino	Genótipo progênie	Genótipo do suposto genitor masculino	PI
<i>aa</i>	<i>aa</i>	<i>aa</i>	$1/P_a$
<i>ab</i>			
<i>bb</i>			
<i>cb</i>	<i>ab</i>	<i>ab</i>	$1/2P_a$
<i>aa</i>			
<i>ab</i>			
<i>ac</i>	<i>ac</i>	<i>ac</i>	$1/2(P_a+P_b)$
<i>bb</i>			
<i>bc</i>			
<i>bc</i>	<i>ac</i>	<i>ac</i>	$1/2(P_a+P_b)$
<i>cc</i>			
<i>cd</i>			
<i>ab</i>	<i>ab</i>	<i>aa</i>	$1/(P_a+P_b)$
		<i>ab</i>	
		<i>ac</i>	

* P é a frequência do alelo a ou b de um específico loco calculado em uma população aleatória.

O Índice de Paternidade é usado para descrever a taxa de probabilidade baseada em duas hipóteses, a que o suposto genitor é o verdadeiro genitor, e que o suposto genitor não é o verdadeiro genitor. Após o cálculo do Índice de Paternidade, foi calculado o Índice de Paternidade Combinada, que é o produto das probabilidades obtidas para cada loco ($CPI = PI_i \times PI_j \times \dots \times PI_n$). Também foi calculada a Probabilidade de Paternidade ($W = CPI/(CPI+1)$) (LEE et al., 2000) .

Tabela 4. Formulas do Índice de Paternidade (PI) para situações onde o genótipo de um dos genitores encontra-se disponível como amostra de referência (LEE et al., 2000)

Genitor	Progenie	PI
<i>aa</i>	<i>aa</i>	$1/P_a$
	<i>ab</i>	$1/2P_a$
<i>ab</i>	<i>aa</i>	$1/2P_a$
	<i>ab</i>	$P_a + P_b / 4P_a P_b$
	<i>ac</i>	$1/4P_a$

* P é a frequência do alelo a ou b de um específico loco calculado em uma população aleatória.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os marcadores microssatélites foram boas ferramentas para confirmar a ocorrência ou não dos cruzamentos testados. Os números de locos analisados para cada genealogia variou entre 14 e 18, dependendo da obtenção de fragmentos amplificados. Dos 18 locos testados, 13 foram utilizados em todos os cruzamentos (BrPe0001, BrPe0003, BrPe0006, BrPe0010, BrPe0014, BrPe0031, BrPe0032, BrPe0033, BrPe0034, BrPe0036, BrPe0038, BrPe0042, BrPe3011).

Genealogia A

Para a confirmação da Genealogia A (Figura 1), foi reconstituída a progênie F1RPGA2_R do 1º Cruzamento entre BRS Rósea Púrpura x *P. edulis* GA2, e foi utilizada como genitor feminino no 2º Cruzamento (F1RPGA2_R x *P. edulis* MA) onde a progênie foi denominada F1RPGA2MA. Considerando nenhuma Exclusão Categórica nos 16 locos analisados (Tabela 5), o suposto genitor feminino F1RPGA2_R é o verdadeiro genitor feminino do acesso F1RPGA2MA com 99,442% de Probabilidade de Paternidade (Tabela 5.1). Já para na análise de Inclusão ou Exclusão Categóricas, considerando 3 Exclusões Categóricas nos locos considerados, o suposto genitor masculino *P. edulis* MA é, portanto, excluído como o verdadeiro genitor masculino do acesso F1RPGA2MA (Tabela 5).

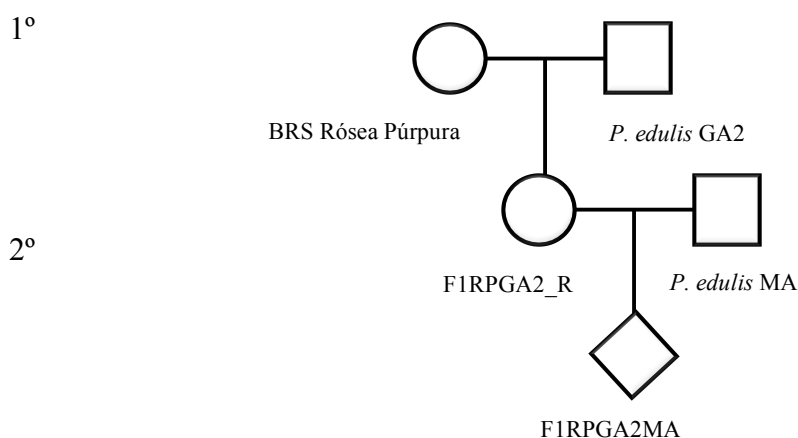


Figura 1. Genealogia A com dois cruzamentos: 1º BRS Rósea Púrpura x *P. edulis* GA2; 2º F1RPGA2_R x *P. edulis* MA.

Tabela 5. Análise de Inclusão ou Exclusão Categóricas do 2º Cruzamento da Genealogia A.

Locos	Genitor	Genitor	Progênie/ Genitor Fem.	Genitor	Progênie	Inclusão/ Exclusão					
	Fem.	Masc.		Masc.		G. Fem	G. Masc				
	BRS Rósea Púrpura	x	<i>P. edulis</i> GA2	=	F1RPGA2 (R)	x	<i>P. edulis</i> MA	=	F1RPGA2MA		
BrPe0001	156/156		156/158		156/158		156/158		156/158	I	I
BrPe0003	275/275		287/289		275/287		279/287		287/287	I	I
BrPe0006	196/196		188/192		192/196		200/200		196/196	I	E

Locos	Genitor	Genitor	Progênie/ Genitor Fem.		Genitor	Progênie	Inclusão/ Exclusão		
	Fem.	Masc.			Masc.		G. Fem	G. Masc	
	BRS Rósea Púrpura	<i>P. edulis</i> GA2	=	F1RPGA2 (R)	<i>P. edulis</i> MA	=	F1RPGA2MA		
BrPe0010	196/198	202/204		196/204	202/204		204/204	I	I
BrPe0014	216/216	216/216		216/216	216/216		216/216	I	I
BrPe0021	152/152	164/164		152/164	164/164		164/164	I	I
BrPe0024	231/231	233/233		231/233	231/233		231/233	I	I
BrPe0028	99/99	105/105		99/105	105/105		105/105	I	I
BrPe0031	149/149	149/151		149/151	151/151		151/153	I	E
BrPe0032	139/139	149/149		139/149	149/149		149/149	I	I
BrPe0033	243/243	245/251		243/251	243/251		251/263	I	E
BrPe0034	223/237	219/231		219/223	219/231		219/231	I	I
BrPe0036	198/204	198/200		198/200	200/200		200/200	I	I
BrPe0038	156/156	158/158		156/158	158/158		158/158	I	I
BrPe0042	134/140	156/156		134/156	154/156		154/156	I	I
BrPe3011	163/165	159/165		159/163	159/165		159/165	I	I
Exclusões							0	3	

Tabela 5.1. Cálculo do Índice de Paternidade (PI), do Índice de Probabilidade Combinado (CPI) e da Probabilidade de Paternidade (W) considerando o duo *genitor e progênie* para o 2º Cruzamento da Genealogia A.

Loco	Genitor Feminino F1RPGA2 (R)	Progênie F1RPGA2MA	Frequência dos alelos* (P_a e/ou P_b)	PI (fórmula)	PI
BrPe0001	156/158 a/b	156/158 a/b	$P_a=0,500$ $P_b=0,300$	$P_a+P_b/4 P_aP_b$	1,333
BrPe0003	275/287 b/a	287/287 a/a	$P_a=0,273$	$1/(2 P_a)$	1,832
BrPe0006	192/196 b/a	196/196 a/a	$P_a=0,318$	$1/(2 P_a)$	1,572
BrPe0010	196/204 b/a	204/204 a/a	$P_a=0,159$	$1/(2 P_a)$	3,145
BrPe0014	216/216 a/a	216/216 a/a	$P_a=0,546$	$1/P_a$	1,832
BrPe0021	152/164 b/a	164/164 a/a	$P_a=0,611$	$1/(2 P_a)$	0,818
BrPe0024	231/233 a/b	231/233 a/b	$P_a=0,325$ $P_b=0,300$	$P_a+P_b/4 P_aP_b$	1,603
BrPe0028	99/105 b/a	105/105 a/a	$P_a=0,381$	$1/(2 P_a)$	1,312

Loco	Genitor Feminino F1RPGA2 (R)	Progênie F1RPGA2MA	Frequência dos alelos* (P_a e/ou P_b)	PI (fórmula)	PI
BrPe0031	149/151 <i>b/a</i>	151/153 <i>a/c</i>	$P_a = 0,333$	$1/(4 P_a)$	0,751
BrPe0032	139/149 <i>b/a</i>	149/149 <i>a/c</i>	$P_a = 0,591$	$1/(4 P_a)$	0,423
BrPe0033	243/251 <i>b/a</i>	251/263 <i>a/c</i>	$P_a = 0,182$	$1/(4 P_a)$	1,374
BrPe0034	219/223 <i>a/b</i>	219/231 <i>a/c</i>	$P_a = 0,125$	$1/(4 P_a)$	2,000
BrPe0036	198/200 <i>b/a</i>	200/200 <i>a/a</i>	$P_a = 0,182$	$1/(2 P_a)$	2,747
BrPe0038	156/158 <i>b/a</i>	158/158 <i>a/a</i>	$P_a = 0,432$	$1/(2 P_a)$	1,157
BrPe0042	134/156 <i>b/a</i>	154/156 <i>c/a</i>	$P_a = 0,296$	$1/(4 P_a)$	0,845
BrPe3001	159/165 <i>a/b</i>	159/165 <i>a/b</i>	$P_a = 0,250$ $P_b = 0,250$	$P_a + P_b / 4 P_a P_b$	2,000
CPI				$PI_i \times PI_j \times \dots \times PI_n$	178,348
W				$CPI / (CPI + 1)$	99,442%

*Ver frequência dos alelos para cada loco no Anexo.

Genealogia B

Na Genealogia B (Figura 2), foi reconstituída a progênie do 1º Cruzamento *P. edulis* GA2 x *P. incarnata*, F1GA2Pi_R que foi utilizada como genitor feminino no 2º Cruzamento entre F1GA2Pi_R x *P. edulis* GA2, ou primeiro retrocruzamento com o genitor recorrente *P. edulis* GA2, onde a progênie desse cruzamento foi denominada F1GA2PiRC1.

Para as análises de paternidade para o 2º Cruzamento da Genealogia B, considerando somente uma Exclusão Categórica, o que não excluiu o suposto genitor masculino (Tabela 6), e após o cálculo da Probabilidade de Paternidade dos 14 locos que apresentaram Inclusões Categóricas, foi confirmando que o suposto genitor masculino *P. edulis* GA2, é o verdadeiro genitor masculino de F1GA2PiRC1 com uma Probabilidade de Paternidade de 99,997% (Tabela 6.1).

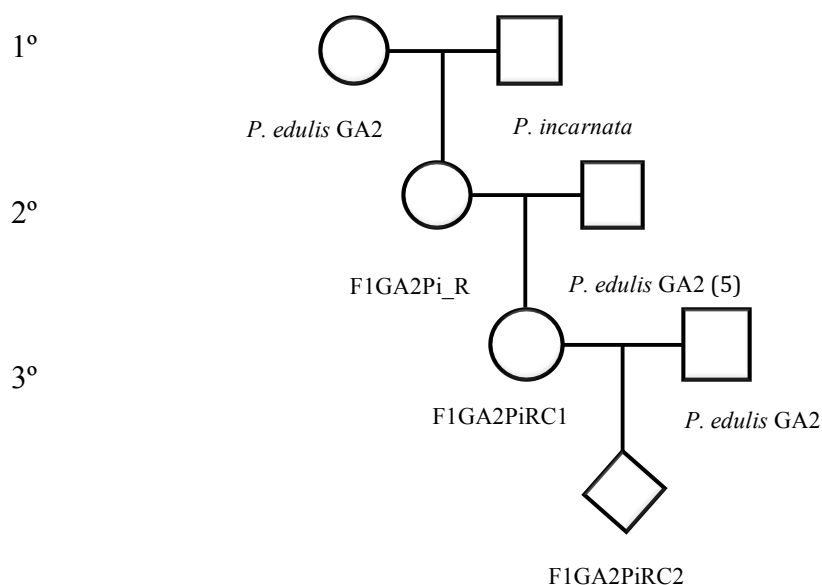


Figura 2. Genealogia B com três cruzamentos: 1° *P. edulis* GA2 x *P. incarnata*; 2° F1GA2Pi_R x *P. edulis* GA2; 3° F1GA2PiRC1 x *P. edulis* GA2.

Para as análises de paternidade para o 2° Cruzamento da Genealogia B, considerando somente uma Exclusão Categórica, o que não excluiu o suposto genitor masculino (Tabela 6), e após o cálculo da Probabilidade de Paternidade dos 14 locos que apresentaram Inclusões Categóricas, foi confirmando que o suposto genitor masculino *P. edulis* GA2, é o verdadeiro genitor masculino de F1GA2PiRC1 com uma Probabilidade de Paternidade de 99,997% (Tabela 6.1).

Tabela 6. Análise de Inclusão e Exclusão Categóricas do 2° Cruzamento na Genealogia B.

Locos	Genitor	Genitor	Genitor	Genitor	Progênie	Inclusão/ Exclusão	
	Fem.	Masc.	Fem.	Masc.		G. Fem	G. Masc
	<i>P. edulis</i> GA2	x <i>P. incarnata</i>	= F1GA2Pi_R	x <i>P. edulis</i> GA2	= F1GA2PiRC1		
BrPe0001	156/158	146/156	156/159	156/158	156/158	I	I
BrPe0003	287/289	279/279	279/289	287/289	287/289	I	I
BrPe0006	188/192	194/194	188/194	188/192	188/188	I	I
BrPe0010	202/204	192/196	196/202	202/204	202/204	I	I
BrPe0014	216/216	216/216	216/216	216/216	216/216	I	I

BrPe0028	105/105	101/101	101/105	105/105	105/105	I	I
Locos	Genitor	Genitor	Genitor	Genitor	Progênie	Inclusão/ Exclusão	
	Fem.	Masc.	Fem.	Masc.		G. Fem	G. Masc
	<i>P. edulis</i> GA2	x <i>P. incarnata</i>	= F1GA2Pi_R	x <i>P. edulis</i> GA2	= F1GA2PiRC1		
BrPe0031	149/151	149/151	149/151	149/151	137/149	I	E
BrPe0032	149/149	135/149	135/149	149/149	149/149	I	I
BrPe0033	245/251	243/243	243/251	245/251	251/251	I	I
BrPe0034	219/231	223/223	223/231	219/231	219/231	I	I
BrPe0036	198/200	198/204	198/204	198/200	198/204	I	I
BrPe0038	158/158	156/158	156/158	158/158	158/158	I	I
BrPe0042	156/156	154/164	156/164	156/156	156/156	I	I
BrPe3011	159/165	163/165	159/165	159/165	159/165	I	I
						Exclusões	0 1

Tabela 6.1. Cálculo do Índice de Probabilidade (PI), do Índice de Probabilidade Combinado (CPI), e da Probabilidade de Paternidade (W) considerando o trio *genitor feminino, progênie e suposto genitor masculino* do 2º Cruzamento na Genealogia B.

Loco	Genitor Feminino F1GA2Pi_R	Progênie F1GA2PiRC1	Genitor Masculino <i>P. edulis</i> GA2	Frequência dos alelos* (P_a e/ou P_b)	PI (fórmula)	PI
BrPe0001	156/159 a/b	156/158 a/b	156/158 a/b	$P_a=0,500$ $P_b=0,300$	$1/(P_a + P_b)$	1,250
BrPe0003	279/289 c/b	287/289 a/b	287/289 a/b	$P_a=0,273$	$1/(2 P_a)$	1,832
BrPe0006	188/194 a/c	188/188 a/a	188/192 a/b	$P_a=0,205$	$1/(2 P_a)$	2,439
BrPe0010	196/202 c/b	202/204 b/a	202/204 b/a	$P_a=0,159$	$1/(2 P_a)$	3,145
BrPe0014	216/216 a/a	216/216 a/a	216/216 a/a	$P_a=0,546$	$1/P_a$	1,832
BrPe0028	101/105 b/a	105/105 a/a	105/105 a/a	$P_a=0,381$	$1/P_a$	2,625
BrPe0032	135/149 b/a	149/149 a/a	149/149 a/a	$P_a=0,591$	$1/P_a$	1,692
BrPe0033	243/251 c/a	251/251 a/a	245/251 b/a	$P_a=0,182$	$1/(2 P_a)$	2,747

Loco	Genitor Feminino F1GA2Pi_R	Progênie F1GA2PiRC1	Genitor Masculino <i>P. edulis</i> GA2	Frequência dos alelos* (P_a e/ou P_b)	PI (fórmula)	PI
BrPe0034	223/231 <i>c/b</i>	219/231 <i>a/b</i>	219/231 <i>a/b</i>	$P_a = 0,125$	$1/(2 P_a)$	4,000
BrPe0036	198/204 <i>a/b</i>	198/204 <i>a/b</i>	198/200 <i>a/c</i>	$P_a = 0,273$ $P_b = 0,136$	$1/[2(P_a + P_b)]$	1,222
BrPe0038	156/158 <i>b/a</i>	158/158 <i>a/a</i>	158/158 <i>a/a</i>	$P_a = 0,432$	$1/P_a$	2,315
BrPe0042	156/164 <i>a/b</i>	156/156 <i>a/a</i>	156/156 <i>a/a</i>	$P_a = 0,296$	$1/P_a$	3,378
BrPe3001	159/165 <i>a/b</i>	159/165 <i>a/b</i>	159/165 <i>a/b</i>	$P_a = 0,250$ $P_b = 0,250$	$1/(P_a + P_b)$	2,000
				CPI	$PI_i \times PI_j \times \dots \times PI_n$	30009,664
				W	$CPI/(CPI+1)$	99,997%

*Ver frequência dos alelos para cada loco no Anexo.

No 3º Cruzamento da Genealogia B (Figura 3), que corresponderia no segundo ciclo de retrocruzamento (F1GA2PiRC1 x *P. edulis* GA2), e considerando 4 Exclussões Categóricas em 17 locos testados, o suposto genitor feminino F1GA2PiRC1 foi excluído como o verdadeiro genitor feminino do acesso F1GA2PiRC2 (Tabela 7). Da mesma maneira, e considerando 5 Exclussões Categóricas, o suposto genitor masculino *P. edulis* GA2 também foi excluído como o verdadeiro genitor masculino do mesmo acesso (Tabela 7).

Tabela 7. Análise de Inclusão e Exclussão Categóricas do 3º Cruzamento da Genealogia B.

Locos	Genitor Feminino		Genitor Masculino		Progênie	Inclusão/ Exclussão	
	F1GA2PiRC1	x	<i>P. edulis</i> GA2	=		F1GA2PiRC2	G. Fem
BrPe0001	156/158		156/158		158/158	I	I
BrPe0002	181/181		181/181		181/181	I	I
BrPe0003	287/289		287/289		287/287	I	I
BrPe0006	188/188		188/192		200/200	E	E

Locos	Genitor Feminino		Genitor Masculino		Progênie	Inclusão/ Exclusão	
	F1GA2PiRC1	x	<i>P. edulis</i> GA2	=		F1GA2PiRC2	G. Fem
BrPe0010	202/204		202/204		202/204	I	I
BrPe0014	216/216		216/216		216/216	I	I
BrPe0021	164/164		164/164		164/164	I	I
BrPe0024	233/233		233/233		231/231	E	E
BrPe0028	105/105		105/105		103/105	I	E
BrPe0031	137/149		149/151		151/153	E	I
BrPe0032	149/149		149/149		149/149	I	I
BrPe0033	251/251		245/251		241/251	I	E
BrPe0034	219/231		219/231		231/231	I	I
BrPe0036	198/204		198/200		200/200	E	I
BrPe0038	158/158		158/158		158/158	I	I
BrPe0042	156/156		156/156		150/156	I	E
BrPe3011	159/165		159/165		159/165	I	I
					Exclusões	4	5

Genealogia C

Para a Genealogia C (Figura 3), o 1º Cruzamento (cruzamento interespecífico) entre *P. aff. amethystina* x *P. edulis* GA2, onde a progênie F1PaGA2_R foi reconstituída, e que teria sido utilizada como genitor feminino no 2º Cruzamento (retrocruzamento) com *P. edulis* GA2, considerando 14 locos, o suposto genitor masculino *P. edulis* GA2 foi excluído como o verdadeiro genitor masculino com 2 Exclusões Categóricas (Tabela 8). Pelo contrário, considerando nenhuma Exclusão Categórica em 14 locos, o suposto genitor feminino F1PaGA2_R seria o verdadeiro genitor feminino do acesso F1PaGA2RC1, e na análise do duo *genitor e progênie* a probabilidade de paternidade seria de um 95,137% (Tabela 8.1).

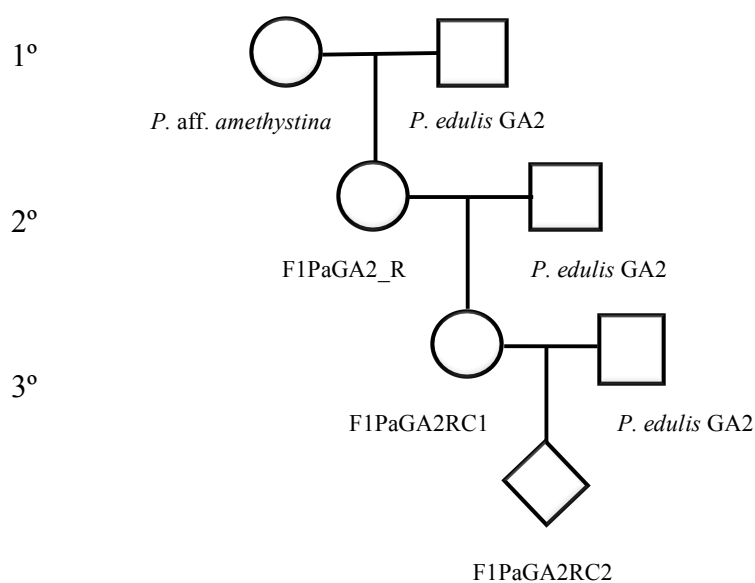


Figura 3. Genealogia C com três cruzamentos: 1° *P. aff. amethystina* x *P. edulis* GA2; 2° F1PaGA2_R x *P. edulis* GA2; 3° F1PaGA2RC1 x *P. edulis* GA2.

Tabela 8. Análise de Inclusão e Exclusão Categóricas do 2° Cruzamento da Genealogia C.

Locos	Genitor		Progênie/ Genitor Feminino	Genitor		Progênie	Inclusão/ Exclusão				
	Feminino	Masculino		Masc.			G. Fem	G. Masc			
	<i>P. aff.</i> <i>amethystina</i>	x	<i>P. edulis</i> GA2	=	F1PaGA2_R	x	<i>P. edulis</i> GA2	=	F1PaGA2RC1		
BrPe0001	162/164		156/158		156/162		156/158		156/158	I	I
BrPe0002	171/175		181/181		171/181		181/181		181/181	I	I
BrPe0003	279/287		287/289		279/289		287/289		289/289	I	I
BrPe0006	188/188		188/192		188/192		188/192		188/202	I	E
BrPe0010	190/190		202/204		190/202		202/204		202/202	I	I
BrPe0014	216/216		216/216		216/216		216/216		216/216	I	I
BrPe0031	137/149		149/151		149/151		149/151		151/151	I	I
BrPe0032	149/151		149/149		149/151		149/149		149/149	I	I
BrPe0033	235/235		245/251		235/245		245/251		245/245	I	I
BrPe0034	235/247		219/231		235/231		219/231		231/231	I	I
BrPe0036	204/204		198/200		198/204		198/200		198/202	I	E
BrPe0038	156/156		158/158		156/158		158/158		158/158	I	I
BrPe0042	176/180		156/156		156/176		156/156		156/156	I	I
BrPe3011	165/165		159/165		159/165		159/165		159/159	I	I
Exclusões							0	2			

Tabela 8.1. Cálculo do Índice de Probabilidade (PI), do Índice de Probabilidade Combinado (CPI) e da Probabilidade de Paternidade (W) considerando o duo *genitor e progênie* para o 2º Cruzamento da Genealogia C.

Loco	Gen. Fem. F1PaGA2 (R)	Progênie F1PaGA2RC1	Frequência dos alelos* (P_a e/ou P_b)	IP (fórmula)	IP
BrPe0001	156/162 <i>a/b</i>	156/158 <i>a/b</i>	$P_a=0,500$	$1/(4 P_a)$	0,500
BrPe0002	171/181 <i>b/a</i>	181/181 <i>a/a</i>	$P_a=0,474$	$1/(2 P_a)$	1,055
BrPe0003	279/289 <i>b/a</i>	289/289 <i>a/a</i>	$P_a=0,364$	$1/(2 P_a)$	1,374
BrPe0006	188/192 <i>a/b</i>	188/202 <i>a/c</i>	$P_a=0,205$	$1/(4 P_a)$	1,220
BrPe0010	190/202 <i>b/a</i>	202/202 <i>a/a</i>	$P_a=0,364$	$1/(2 P_a)$	1,374
BrPe0014	216/216 <i>a/a</i>	216/216 <i>a/a</i>	$P_a=0,546$	$1/P_a$	1,832
BrPe0031	149/151 <i>b/a</i>	151/151 <i>a/a</i>	$P_a=0,333$	$1/(2 P_a)$	1,502
BrPe0032	149/151 <i>a/b</i>	149/149 <i>a/a</i>	$P_a=0,591$	$1/(2 P_a)$	0,846
BrPe0033	235/245 <i>b/a</i>	245/245 <i>a/a</i>	$P_a=0,318$	$1/(2 P_a)$	1,572
BrPe0034	235/231 <i>a/b</i>	231/231 <i>a/a</i>	$P_a=0,406$	$1/(2 P_a)$	1,231
BrPe0036	198/204 <i>a/b</i>	198/202 <i>a/c</i>	$P_a=0,273$	$1/(4 P_a)$	0,916
BrPe0038	156/158 <i>b/a</i>	158/158 <i>a/a</i>	$P_a=0,432$	$1/(2 P_a)$	1,157
BrPe0042	156/176 <i>a/b</i>	156/156 <i>a/a</i>	$P_a=0,296$	$1/(2 P_a)$	1,689
BrPe3001	159/165 <i>a/b</i>	159/159 <i>a/a</i>	$P_a=0,250$	$1/(2 P_a)$	2,000
			CPI	$PI_i \times PI_j \times \dots \times PI_n$	19,563
			W	$CPI/(CPI+1)$	95,137%

*Ver frequência dos alelos para cada loco no Anexo.

No 3º Cruzamento da Genealogia C, que correspondente no segundo ciclo de retrocruzamento, F1PaGA2RC1 x *P. edulis* GA2, o suposto genitor feminino

F1PaGA2RC1 do acesso F1PaGA2RC2 seria o verdadeiro genitor feminino considerando somente 1 Exclusão Categórica em 17 locos (Tabela 9) e com uma probabilidade de paternidade de 99,999% (Tabela 9.1). Pelo contrário, o suposto genitor masculino *P. edulis* GA2 não corresponderia ao verdadeiro genitor masculino observando 4 Exclusões Categóricas (Tabela 9).

Tabela 9. Análise de Inclusão e Exclusão Categóricas do 3º Cruzamento da Genealogia C.

Locos	Genitor Feminino		Genitor Masculino		Progênie	Inclusão/ Exclusão	
	F1PaGA2RC1	x	<i>P. edulis</i> GA2	=		F1PaGA2RC2	G. Fem
BrPe0001	156/158		156/158		158/158	I	I
BrPe0002	181/181		181/181		181/181	I	I
BrPe0003	289/289		287/289		287/287	E	I
BrPe0006	188/202		188/192		188/202	I	I
BrPe0010	202/202		202/204		202/202	I	I
BrPe0014	216/216		216/216		216/216	I	I
BrPe0021	164/164		164/164		164/164	I	I
BrPe0024	233/233		233/233		231/233	I	E
BrPe0028	105/105		105/105		105/105	I	I
BrPe0031	151/151		149/151		151/151	I	I
BrPe0032	149/149		149/149		149/149	I	I
BrPe0033	245/245		245/251		243/245	I	E
BrPe0034	231/231		219/231		231/231	I	E
BrPe0036	198/202		198/200		198/202	I	I
BrPe0038	158/158		158/158		158/158	I	I
BrPe0042	156/156		156/156		154/156	I	E
BrPe3011	159/159		159/165		159/165	I	I
Exclusões						1	4

Tabela 9.1 Cálculo do Índice de Probabilidade (PI), do Índice de Probabilidade Combinado (CPI) e da Probabilidade de Paternidade (W) considerando o duo *genitor e progênie* para o 3º Cruzamento da Genealogia C

Loco	Gen. Fem. F1PaGA2RC1	Progênie F1PaGA2RC2	Frequência dos alelos* (P_a e/ou P_b)	PI (fórmula)	PI
BrPe0001	156/158 <i>b/a</i>	158/158 <i>a/a</i>	$P_a=0,300$	$1/2P_a$	1,667
BrPe0002	181/181 <i>a/a</i>	181/181 <i>a/a</i>	$P_a=0,474$	$1/P_a$	2,110
BrPe0006	188/202 <i>a/b</i>	188/202 <i>a/b</i>	$P_a=0,205$ $P_b=0,091$	$P_a+P_b/4P_aP_b$	3,967
BrPe0010	202/202 <i>a/a</i>	202/202 <i>a/a</i>	$P_a=0,364$	$1/P_a$	2,747
BrPe0014	216/216 <i>a/a</i>	216/216 <i>a/a</i>	$P_a=0,546$	$1/P_a$	1,832
BrPe0021	164/164 <i>a/a</i>	164/164 <i>a/a</i>	$P_a=0,611$	$1/P_a$	1,637
BrPe0024	233/233 <i>a/a</i>	231/233 <i>b/a</i>	$P_a=0,300$	$1/2P_a$	1,667
BrPe0028	105/105 <i>a/a</i>	105/105 <i>a/a</i>	$P_a=0,381$	$1/P_a$	2,625
BrPe0031	151/151 <i>a/a</i>	151/151 <i>a/a</i>	$P_a=0,333$	$1/P_a$	3,003
BrPe0032	149/149 <i>a/a</i>	149/149 <i>a/b</i>	$P_a=0,591$	$1/2P_a$	0,846
BrPe0033	245/245 <i>a/a</i>	243/245 <i>b/a</i>	$P_a=0,318$	$1/2P_a$	1,572
BrPe0034	231/231 <i>a/a</i>	231/231 <i>a/a</i>	$P_a=0,406$	$1/P_a$	2,463
BrPe0036	198/202 <i>a/b</i>	198/202 <i>a/b</i>	$P_a=0,273$ $P_b=0,296$	$P_a+P_b/4P_aP_b$	1,760
BrPe0038	158/158 <i>a/a</i>	158/158 <i>a/a</i>	$P_a=0,432$	$1/P_a$	2,315
BrPe0042	156/156 <i>a/a</i>	154/156 <i>b/a</i>	$P_a=0,296$	$1/2P_a$	1,689
BrPe3001	159/159 <i>a/a</i>	159/165 <i>a/b</i>	$P_a=0,250$	$1/2P_a$	2,000
CPI				$PI_i \times PI_j \times \dots \times PI_n$	68057,033
W				$CPI/(CPI+1)$	99,999%

*Ver frequência dos alelos para cada loco no Anexo.

Genealogia D

Para a Genealogia D (Figura 4), o cruzamento entre o híbrido interespecífico BRS Céu do Cerrado x *P. edulis* MA, o suposto genitor masculino foi eliminado como o verdadeiro genitor masculino do acesso FICCMA com 5 Exclusões Categóricas nos 14 locos considerados. Da mesma maneira, o genitor feminino para o mesmo acesso também foi eliminado como o verdadeiro genitor feminino, mas agora com 2 Exclusões Categóricas (Tabela 10).

1°

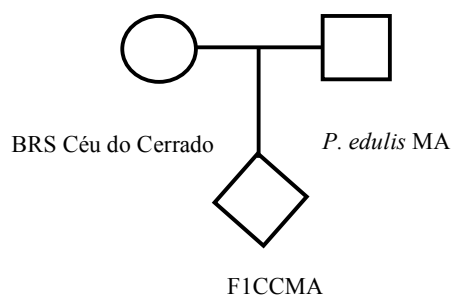


Figura 4. Genealogia D, cruzamento entre BRS Céu do Cerrado x *P. edulis* MA.

Tabela 9. Análise de Inclusão e Exclusão Categóricas do 1° Cruzamento da Genealogia D.

Locos	Genitor Fem.		Genitor Masc.		Progênie	Inclusão/ Exclusão	
	BRS Céu Do Cerrado	x	<i>P. edulis</i> MA	=		FICCMA	G. Fem
BrPe0001	156/158		156/158		158/158	I	I
BrPe0002	181/181		181/181		181/181	I	I
BrPe0003	287/293		279/287		289/289	E	E
BrPe0006	188/202		200/200		188/202	I	E
BrPe0010	202/202		202/204		202/204	I	I
BrPe0014	216/216		216/216		216/216	I	I
BrPe0021	164/164		164/164		164/164	I	I
BrPe0024	231/233		231/233		233/233	I	I
BrPe0028	105/105		105/105		103/105	I	E
BrPe0031	149/151		151/151		151/151	I	I
BrPe0032	147/149		149/149		149/149	I	I
BrPe0033	243/243		243/251		251/251	E	I
BrPe0034	229/231		219/231		231/231	I	I

Locos	Genitor Fem.		Genitor Masc.		Progênie	Inclusão/ Exclusão	
	BRS Céu Do Cerrado	x	<i>P. edulis</i> MA	=		FICCMA	G. Fem
BrPe0036	198/202		200/200		198/198	I	E
BrPe0038	158/158		158/158		158/158	I	I
BrPe0042	152/156		154/156		156/156	I	I
BrPe0043	202/222		196/202		222/222	I	E
BrPe3011	159/165		159/165		159/159	I	I
					Exclusões	2	5

Considerando o grande potencial do uso das espécies silvestres no melhoramento genético e devido à compatibilidade existente entre muitas das espécies de Passiflora, o que tem permitido a obtenção de híbridos interespecíficos (MELETTI et al., 2005), se faz fundamental a utilização de marcadores moleculares para auxiliar na detecção de cruzamentos, análise de paternidade, reconstrução de pedigree e identificação de cultivares, de tal modo que seja possível encurtar os tempos do programa de melhoramento para a obtenção de novas cultivares.

Marcadores microssatélites demonstraram ser uma excelente ferramenta no esclarecimento de alguns cruzamentos e a paternidade dos acessos, seja confirmando os genitores como verdadeiros genitores ou excluindo-os como os verdadeiros genitores.

Na análise de Inclusão e Exclusão Categóricas realizada nos 12 genitores de 6 cruzamentos analisados, os resultados confirmaram como genitores verdadeiros a 5 deles, onde a Probabilidade de Paternidade (W) calculada para o único genitor masculino foi de 99,997%. As análises também demonstraram que 7 dos supostos genitores foram excluídos como os genitores verdadeiros das progênie, apresentando Exclusões Categóricas em 2, 3, 4 e 5 locos.

Dois dos 5 genitores que foram confirmados como genitores verdadeiros, apresentaram somente uma Exclusão Categórica em um dos locos testados, o que não os excluiu como genitores verdadeiros. Para o genitor masculino *P. edulis* GA2 do 2º Cruzamento da Genealogia B, a única exclusão categórica foi no loco BrPe0031, que apresentou uma discrepância de 12 pares de bases ou 6 repetições a mais do motivo do microssatélite TA entre o genitor *P. edulis* GA2 (149 pb) e a progênie F1GA2PiRC1 (137 pb) (Tabela 5). E para o 3º Cruzamento da Genealogia C, a única Exclusão Categórica foi no loco BrPe0003, com uma discrepância de 2 pares de bases ou uma

repetição a mais do motivo TC, entre o genitor feminino *P. edulis* GA2 (289 pb) e a progênie F1PaGA2RC2 (287 pb) (Tabela 9).

Diferença no número de repetições dentro do microssatélite entre uma geração e outra pode ser atribuída ao fenômeno de *slippage* do DNA durante a replicação (TACHIDA; IIZUKA, 1992) ou à recombinação entre as fitas de DNA causada por um *crossing-over* desigual (BROHEDE; ELLEGREN, 1999; HARDING; BOYCE; CLEGG, 1992).

No caso da diferença entre 2 pares de base no loco BrPe0003, entre o genitor feminino *P. edulis* GA2 (289 pb) e a progênie F1PaGA2RC2 (287 pb) seria um exemplo de *slippage* na variação de um número pequeno de pares de base, seja por inserção ou deleção, causado pela pausa da DNA polimerase durante a dissociação da polimerase do DNA, onde em esse momento somente a parte terminal da nova fita sintetizada é separada da fita original, emparelhando-se a outra unidade de repetição do microssatélite (HILE; ECKERT, 2004). Esse fenômeno tem sido previamente documentado em algumas espécies como *Arabidopsis* (SYMONDS; LLOYD, 2003), grão-de-bico (SETHY et al., 2006) e soja (PEAKALL et al., 1998).

No caso da diferença de 12 pares de base no loco BrPe0031, entre o genitor masculino *P. edulis* GA2 (149 pb) e a progênie F1GA2PiRC1 (137 pb), poderia ser causada pela recombinação das fitas de DNA na meiose, onde se tem observado sequências maiores de adição ou perda devido a um *crossing-over* desigual (BERG et al., 2003).

Na Genealogia B, o genitor feminino F1GA2Pi_R foi confirmado como o genitor feminino verdadeiro do acesso F1GA2PiRC1, da mesma maneira para o genitor masculino *P. edulis* GA2. Isso demonstra que é possível obter híbridos interespecíficos sexuados entre *P. edulis* GA2 x *P. incarnata* e que tem sido reportado anteriormente por FALEIRO et al. (2015). Em estudos anteriores feitos por KNIGHT (1991) e OTONI et al. (1995) foi observado que quando *P. edulis* era cruzada sexualmente com *P. incarnata* os híbridos F1 eram macho-estéreis e não conseguiam frutificar, portanto a obtenção de plantas férteis deveria ser através da duplicação cromossômica, mediante o uso de colchicina, ou bem pela fusão de protoplastos. No cruzamento entre *P. edulis* GA2 e *P. incarnata* realizado neste estudo, o vingamento foi exitoso na maioria dos casos (dados não apresentados).

Os marcadores microssatélites testados auxiliaram na exclusão de 7 supostos genitores de 6 cruzamentos em 4 genealogias. Erros na identificação dos acessos, polinização tardia das flores, contaminação do pólen, problemas mecânicos na hora de ensacar as flores polinizadas, poderiam ter sido algumas das razões pelas quais 7 dos supostos genitores foram excluídos como os verdadeiros genitores dos cruzamentos analisados.

CONCLUSÕES

Os novos marcadores microssatélites polimórficos foram eficientes na análise de paternidade dos cruzamentos testados, confirmando a obtenção do híbrido interespecífico entre *P. edulis* GA2 x *P. incarnata*.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AMERICAN ASSOCIATION OF BLOOD BANKS. **Guidance for Standards for Parentage Testing Laboratories**. 6th. ed. Bethesda, MD, 2004. p.144.

BERG, I.; NEUMANN, R.; CEDERBERG, H.; RANNUNG, U.; JEFFREYS, A.J. Two modes of germline instability at human minisatellite MS1 (locus D1S7): complex rearrangements and paradoxical hyperdeletion. **American Journal of Human Genetics**, v. 72, p. 1436–47, 2003.

BROHEDE, J.; ELLEGREN, H. Microsatellite evolution: polarity of substitutions within repeats and neutrality of flanking sequences. **Proceedings: Biological Sciences**, v. 266, n. 1421, p. 825–833, 1999.

BRUNEL, D. A microsatellite marker in *Helianthus annuus* L. **Plant Molecular Biology**, v. 24, p. 397–400, 1994.

BUCKLETON, J.; CLAYTON, T.; TRIGSS, C. Parentage Testing. In: BUCKLETON, J.; TRIGSS, C.; WALSH, S. J. (Eds.). **Forensic DNA Evidence Interpretation**. Washington, DC: CRC Press, 2005. p. 531.

CERVI, A. C. Espécies de Passiflora L. (Passifloraceae) publicadas e descritas nos últimos 55 anos (1950-2005) na América do Sul e principais publicações brasileiras. **Estudos de Biologia**, v. 27, n. 61, p. 19–24, 2005.

CERVI, A. C.; LINSINGEN, L. VON. Passiflora kikiana, a new species of Passifloraceae from the Brazilian Amazon. **Acta Botanica Brasilica**, v. 24, n. 4, p. 1062–1064, 2010.

COSTA, A. M.; TUPINAMBÁ, D. D. O maracujá e suas propriedades medicinais - estado da arte. In: FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N. T. V. (Eds.). **Maracujá: germoplasma e melhoramento genético**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2005. p. 475–506.

DOYLE, J.; DOYLE, J. L. Genomic plant DNA preparation from fresh tissue-CTAB method. **Phytochemical Bulletin**, v. 19, n. 11, p. 11–15, 1987.

FALEIRO, F. G.; FALEIRO, A. S. G.; CORDEIRO, M. C. R.; KARIA, C. T. **Metodologia para operacionalizar a extração de DNA de espécies nativas do cerrado**. Comunicado Técnico. Planaltina, DF, 2003.

FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N. T. V.; BRAGA, M. F.; BELLON, G.; PEIXOTO, J. R.; BARROS, A. M.; BORGES, T. A.; ALMEIDA, D. A.; COSTA, B. **Obtenção de populações de retrocruzamentos e confirmação da fecundação cruzada no maracujazeiro com base em marcadores moleculares**. Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas. Embrapa Trigo, Gramado, RS. 2005.

FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N. T. V.; COSTA, A. M. **Ações de Pesquisa e Desenvolvimento para o Uso Diversificado de Espécies Comerciais e Silvestres de**

Maracujá (Passiflora spp.). Embrapa Cerrados, Planaltina, DF. 2105.

FEUILLET, C. Passifloraceae (passion flower family). In: SMITH, N.; MORI, S. A.; HENDERSON, A.; STEVENSON, D. W.; HELD, S. V. (Eds.). **Flowering Plants on the Neotropics**. New York: Princeton University Press, 2004. p. 286–287.

FIELD, D.; WILLS, C. Long, polymorphic microsatellites in simple organisms. **Proceedings. Biological sciences / The Royal Society**, v. 263, n. 1367, p. 209–15, 1996.

HARDING, R. M.; BOYCE, A. J.; CLEGG, J. B. The evolution of tandemly repetitive DNA: Recombination rules. **Genetics**, v. 132, n. 3, p. 847–859, 1992.

HILE, S. E.; ECKERT, K. A. Positive Correlation Between DNA Polymerase α -Primase Pausing and Mutagenesis within Polypyrimidine/Polypurine Microsatellite Sequences. **Journal of Molecular Biology**, v. 335, p. 745–759, 2004.

IMIG, D. C.; CERVI, A. C. A new species of Passiflora (Passifloraceae) from Minas Gerais, Brazil. **Phytotaxa**, v. 186, n. 5, p. 292–296, 2014.

JUNQUEIRA, K. P.; JUNQUEIRA, N. T.; BELLON, G.; BRAGA, M. F.; SOUZA, L. S. D. E. Confirmação de híbridos interespecíficos artificiais no gênero Passiflora por meio de marcadores RAPD. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 30, n. 1, p. 191–196, 2008.

KNIGHT, R. J. Development of Tetraploid Hybrid Passion Fruit Clones with Potential for the North Temperate Zone. **HortScience**, v. 26, n. 12, p. 1541–1543, 1991.

LEE, H. S.; LEE, J. W.; HAN, G. R.; HWANG, J. J. Motherless case in paternity testing. **Forensic Science International**, v. 114, p. 57–65, 2000.

LITT, M.; LUTY, J. A. A. Hypervariable Microsatellite Revealed by In Vitro

Amplification of a Dinucleotide Repeat within the Cardiac Muscle Actin Gene. **American Journal of Human Genetics**, v. 44, p. 397–401, 1989.

MARSHALL, T. C.; SLATE, J.; KRUK, L. E. B.; PEMBERTON, J. M. Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. **Molecular Ecology**, v. 7, p. 639–655, 1998.

MATSCHINER, M.; SALZBURGER, W. TANDEM: Integrating automated allele binning into genetics and genomics workflows. **Bioinformatics**, v. 25, n. 15, p. 1982–1983, 2009.

MELETTI, L. M. M.; SOARES-SCOTT, M. D.; BERNACCI, L. C.; BERNACCI, L. C.; PASSOS, I. R. S. Melhoramento genético do maracujá: passado e futuro. In: FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N. T. V.; BRAGA, M. F. (Eds.). **Maracujá: germoplasma e melhoramento genético**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2005. p. 55–78.

MELETTI, L. M. M.; BRUCKNER, C. H. Melhoramento genético. In: BRUCKNER, C. H.; PICANÇO, M. C. (Eds.). **Maracujá: tecnologia de produção, pós-colheita, agroindústria, mercado**. Porto Alegre: Cinco Continentes, 2001. p. 345–385.

OTONI, W. C.; BLACKHALL, N.W.; D'ULTRA VAZ, F. B.; CASALI, V. W.; POWER, J. B.; DAVEY, M. R. Somatic hybridization of the *Passiflora* species, *P. edulis* f. *flavicarpa* Degener and *P. incarnata* L. **Journal of Experimental Botany**, v. 46, n. 7, p. 777–785, 1995.

PEAKALL, R.; GILMORE, S.; KEYS, W.; MORGANTE, M.; RAFALSKI, A. Cross-species amplification of soybean (*Glycine max*) simple sequence repeats (SSRs) within the genus and other legume genera: implications for the transferability of SSRs in plants. **Molecular Biology and Evolution**, v. 15, n. 10, p. 1275–87, 1998.

PEIXOTO, M. Problemas e perspectivas do maracujá ornamental. In: FALEIRO, F. G.;

JUNQUEIRA, N. T. V.; BRAGA, M. F. (Eds.). **Maracujá: germoplasma e melhoramento genético**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2005. p. 457–463.

PUGH, T.; FOUET, O.; RISTERUCCI, A. M.; BROTTIER, P.; ABOULADZE, M.; DELETREZ, C.; COURTOIS, B.; CLEMENT, D.; LARMANDE, P.; N'GORAN, J. A. K.; LANAUD, C. A new cacao linkage map based on codominant markers: development and integration of 201 new microsatellite markers. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 108, n. 6, p. 1151–61, 2004.

SETHY, N. K.; SHOKEEN, B.; EDWARDS, K. J.; BAHATIA, S. Development of microsatellite markers and analysis of intraspecific genetic variability in chickpea (*Cicer arietinum* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 112, n. 8, p. 1416–1428, 2006.

SIMIC, D.; LEDENCAR, T.; JAMBROVIC, A.; ZDUNIC, Z.; BRKIC, J.; BRKIC, A.; MLADENOVIC-DRINIC, S.; BRKIC, I. SNP and SSR marker analysis and mapping of a maize population. **Genetika**, v. 41, n. 3, p. 237–246, 2009.

SOUZA, J.; MELETTI, L. **Maracujá: Espécies, Variedades, Cultivo**. Piracicaba, Brasil: Fealq, 1997.

SYMONDS, V. V.; LLOYD, A. M. An Analysis of Microsatellite Loci in *Arabidopsis thaliana*: Mutational Dynamics and Application. **Genetics**, v. 165, n. 3, p. 1475–1488, 2003.

TACHIDA, H.; IIZUKA, M. Persistence of repeated sequences that evolve by replication slippage. **Genetics**, v. 131, n. 2, p. 471–478, 1992.

VANDERPLANK, J. **Passion flowers**. Cambridge: The MIT Press, 2000.

VOUILLAMOZ, J.; MAIGRE, D.; MEREDITH, C. P. Microsatellite analysis of ancient alpine grape cultivars: Pedigree reconstruction of *Vitis vinifera* L. “Cornalin du

Valais”. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 107, n. 3, p. 448–454, 2003.

WEBER, J. L.; WONG, C. Mutation of human short tandem repeats. **Human Molecular Genetics**, v. 2, n. 8, p. 1123–8, 1993.

WEISSENBACH, J.; GYAPAY, G.; DIB, C.; VIGNAL, A.; MORISSETTE, J.; MILLASSEU, P.; VAYSSEIX, G.; LATHROP, M. A second-generation linkage map of the human genome. **Nature**, v. 359, p. 794–801, 1992.

YAMAMOTO, T.; MOCHIDA, K.; IMAI, T.; HAJII, T.; YAEGAKII, H.; MATSUTAI, N.; HAYASHIT, T. Parentage Analysis in Japanese Peaches using SSR Markers. **Breeding Science**, v. 53, p. 35–40, 2003.

ZERAIK, M. L.; PEREIRA, C. A. M.; ZUIN, V. G.; Maracujá: Um alimento funcional? **Revista Brasileira de Farmacognosia**, v. 20, p. 459–471, 2010.

ANEXO

Frequências alélicas dos 18 locos testados em 22 acessos do gênero *Passiflora* (A: alelo, F: frequência alélica)

Loco	A	F	Loco	A	F	Loco	A	F
BrPe0001	144	0,050	BrPe0002	171	0,026	BrPe0003	275	0,046
	146	0,025		175	0,026		277	0,046
	154	0,075		179	0,211		279	0,091
	156	0,500		181	0,474		285	0,114
	158	0,300		183	0,105		287	0,273
	162	0,025		187	0,158		289	0,364
	164	0,025					291	0,046
				293	0,023			
Loco	A	F	Loco	A	F	Loco	A	F
BrPe0006	188	0,205	BrPe0010	190	0,046	BrPe0014	214	0,182
	192	0,023		192	0,023		216	0,546
	194	0,068		196	0,046		218	0,068
	196	0,318		198	0,023		220	0,046
	198	0,114		200	0,341		224	0,136
	200	0,182		202	0,364		226	0,023
	202	0,091		204	0,159			
Loco	A	F	Loco	A	F	Loco	A	F
BrPe0021	152	0,056	BrPe0024	221	0,175	BrPe0028	89	0,048
	158	0,111		223	0,075		99	0,048
	162	0,222		229	0,125		101	0,238
	164	0,611		231	0,325		103	0,167
				233	0,300		105	0,381
		233	0,308	107	0,071			
				109	0,048			
Loco	A	F	Loco	A	F	Loco	A	F
BrPe0031	135	0,095	BrPe0032	135	0,023	BrPe0033	235	0,046
	137	0,048		137	0,068		237	0,068
	143	0,024		139	0,046		241	0,091
	147	0,143		145	0,023		243	0,227
	149	0,310		147	0,114		245	0,318
	151	0,333		149	0,591		249	0,046
	153	0,048		151	0,046		251	0,182
		153	0,091	263	0,023			

Loco	A	F	Loco	A	F	Loco	A	F
BrPe0034	217	0,125	BrPe0036	196	0,114	BrPe0038	154	0,023
	219	0,125		198	0,273		156	0,318
	223	0,094		200	0,182		158	0,432
	229	0,156		202	0,296		168	0,023
	231	0,406		204	0,136		178	0,091
	235	0,031					180	0,114
	237	0,031						
	247	0,031						
Loco	A	F	Loco	A	F	Loco	A	F
BrPe0042	134	0,023	BrPe0043	194	0,063	BrPe3011	157	0,205
	140	0,023		196	0,031		159	0,250
	142	0,023		200	0,188		163	0,296
	150	0,046		202	0,219		165	0,250
	152	0,068		204	0,063			
	154	0,296		206	0,031			
	156	0,296		210	0,063			
	160	0,023		212	0,031			
	162	0,136		222	0,313			
	164	0,023						
	176	0,023						
	180	0,023						

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
1	BrPe0001	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 4580	2	1881	1908	28	14	26	GCTACAAGCTGTAATCCTTGGAGAATTTTCTTTAGCTGTTGAGAGGA TTGTGTTGGTTAAGGAGTTCAATCTCTAACCACCAGTTGGTGGACC TAAACCCCTCTCTAAACCTCTCCAGAATCACCCACAAGCATCATCT TCCTCTCCACTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTGTTTCTCTCTC CTCTACCATGGAAGTCTGGTCTTGCTGCAATATCCACAATATAAGC ATATTCTCCTCTCTTTGTTTCTCTGAAATCTCTTCTTTCCGTA TTATTCTAATAACAATTACTTATTATTTATTTGCCAGG	CT	G	18,34	162	GTTGAGAGGATTGTG TTTG	53,84	ATGGTAGAGGAGGA GAGA	53,89	44	41	P
2	BrPe0002	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 2851	2	6549	6572	24	12	22	GCGCAAGGGAGAATTGICAGCAATTTGGTTTCAATGCCTCATCTAC CATGGGAGCAATAGTGCGTATAACCTGCAAGATGAAATGTATAAA GCCCAGATGAAGTAAATAAAAAATGAACAGCAAAGCATGACATCTG GAGCTTTAAAAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGTGAAGAAAGGA TATGAAAGAAACCAATGATAGTGCTAACAATTACTAATACTGAATAA TTATGCTGCCACAAGAACACTATTAACACTTCTGATTGGAGCCCAAG TCCTTAAACGATCGCAACTAGTGATTGCACTGGCTCAGATATTCA	AG	G	18,49	183	AAAGCCAGATGAAG TGAA	56,56	GGTCCAATCAGAA GTGT	56,43	42	50	P
3	BrPe0003	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 0654	2	2214	2235	22	11	20	CAAGAGCCTCCATGCTTTCTCCCTATACCCCTTTCCCAAATGCC AAGCCTCTTTGCAATTTCAAGAATCCGCTGCTTTCAACCACCGICC TGGATTTTCCATGCCAAGCAGGCTCCTCATCAGACGTCAGTATCAAC CACCTTCGTTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTTTCTTTTGGGCA TTTTACTTCTTTATTTCAAACACATGAGATGGATGGTCAGTATCTTG GGCGTTGTAGTGAAGAGAGCTATAGTCTAAGTGCTCTATTTTGTT ATGTGATTATGGAGGGCGAAAGAAATTAATTGCTATG	TC	G	20,52	287	CTTTCTCTCCCTATAC CC	51,64	CCCTCCATAATCAC ATAAC	51,58	50	42	P
4	BrPe0004	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 3460	2	3256	3277	22	11	20	TCCTCCCTCTCTCTCTTGTATATAATCCCTCCACCCCGAATTTTC CATTTCCACCCTCTCTCCCGTGACCGTACACCAGTACACCCTTGTG ACTCTTATTTTCTCTCTCTCTCTATTTCCACCGTCTCTCTGCTCTG CTCTCGCTCTCTCTCTCTCTCTCTATATCTCCGTCTCATCTCTTT CCCTCTCATCGCTCCCTCTCTTGTCTCCCATCAATTTTCAGTTTCTCA AGTGTAACTCGTCTCCCGTCGCCATATCTCCCGTGTGGCGGCGAG TTCTCTTTGTCTTTGTCTTAATTACTGCTTT	CT	G	16,08	192	TCTCTCTCTATTTC CACC	55,34	AACAAAGAAGAACT CGCC	54,77	50	44	NA
5	BrPe0005	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 2047	2	1950	1969	20	10	18	ATTAATICTTTTCTCTCTCTCTTCAAACTCTCGTGTGCTGCTGCAC TCTACAAGTCTCTCTCTCGTATCAGAAAAGCAGAAAAGAAAGAC CACCATGAGAGCAGCGCAGGAACTGAGAGTGGGTGGATGAAGAA GAAGCACAGTAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGTGTGCGTGCTTGTTC GTGGTGGTAAAGTAAATGAAGCCTGAGGGGGTCTTGTGATTTATT T	AG	G	11,35	192	CCTTCTCTCTTCAAA C	50,36	CATTACACTTACC ACC	50,35	41	44	NA

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C	Sequência Reverse	T °C	% GC	% GC	P/M
															Fwd		Rev	Fwd	Rev	
6	BrPe0006	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 1864	2	1512	1531	20	10	18	AACCCATTTCTTTTAAAGCTTGAGATGAGCCAGATAGGGAAAATCC ACAAGGAAAAGAACAGCCTCAGAGATAAGTAGAGTAGAGTACCGA AAAGGGTCAATTAATCACTGGAATTAATATCTGAAGAGCATCGGC CATCTCTACGTCTTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCAATTTCTGAGA GTCAGAAAGCTAGCTAGTATATAGCGAATGCCGGTATATTCTTTGACT GATTTGAGAGCGATGCCAAGCGAGGTATTATAGACGAGATATGG GTCGGCTGGTTCGAGAATGTCGGAGCTATGACTGGGGATTA	TC	G	13,3	196	AAGGAAAAGAAGCAG CCTCA	55,14	CGCTCTCAAATCAG TCAA	55,18	42	42	P
7	BrPe0007	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 0263	2	11920	11937	18	9	16	CTTAAAGGATCTTAGGTTTGTAGTATGATCCATTCCCATATGGATTGA CAATGCCACTCTCTTTTGTGACATCAGTATTTCTCATAAACCTGTAAAT GGAAATACTCAGTATACAATTCGATAGAGCAAGGACAGGGCATATA TATATACACAGAGAGAGAGAGAGAGGCAAGACACTGTGTTACA AGAACCAGGACGTTCTATGGCACTAGATGTCAGAAAAAGGGCGTTC TTGAAACATTCCAAAACATAAACAGAAAGAAGCGAACGAGACCTGT GACCAAAACCCACAAAGCCTCGGAATAGTCCCTATGGAAA	AG	S	18,69	183	AAAGCCAGATGAAG TGAA	56,56	GGCTCCAATCAGAA GTGT	56,43	42	50	P
8	BrPe0008	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 9143	2	2100	2117	18	9	16	GCCTTTTTTCAGCCTCCACTCTTATAGTTTCTTGCGTTGACACCTGGG AACCTTTTCTGGTGTGAGTGGACATGACCATGCCACCAGCCA GCCAACCTTGGGGAAAAAATCTTCTTCATTTGTAAGAAAATTA TGTGTGTGAAGAGAGAGAGAGAGAGAGTTGAGAGCTTTGTGTGAG CTTGAGTGTGCTTTTGTGACCTTGAGACTTGTCTAGAGCTGAGATTG GAGTGGTAGGAGAGTAACTAAGGCTTCGTGGTGTGAGTTGGTGGT GTAGTGCATGCATGTTTTATGTTTTATCATTGATT	AG	G	22,55	278	TTTTGAGCCTCCACTC TT	54,88	TACACCACCAACAC TCAC	54,89	44	50	P
9	BrPe0009	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 1230	2	4237	4254	18	9	16	ATTTGCTGAGTTTCTGTCTCTTTCAGCAATCAAGAAGGATCTGCTTTT GATTTTGGGGAGCTAGAAGCAGCAATTGTACTTCAAGGAGTTAAGA TTAGGAATGATGAAGCAAAGCACGTATGATTCCCTCTCCTCTCCTC TTCTCTCCCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTACTTCTGCTTTTCTGACG TTTGACAAGTATAACCAACTCTCCAAAAGCAAAGGGGTGTGAAAGGT TTGAATATGCTGTATGAGGGTACAACAGAGAGGGGGTTACCATTTC CAATACAGTAATCATGCTGAGCATCAGAATTGAATG	CT	G	17,89	113	CTCTCTCTCCTCTTC TC	54,05	TTCAAACCTTTCAC ACCC	53,39	56	44	M
10	BrPe0010	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_6 7275	2	1693	1710	18	9	16	ACAAAAACCCAGAACATTTTACGGCTGGAAACAGCGAGTGATACCAG CTAGTATAAAGAAGAAAAAGGGCTTGTATGAAAGATAGATACTCC TTGTCTACATCTGTGACGGAATGATTTCTCTCAAGGAAAAAGA GCTCCTATCGATCTCTCTCTCTCTCTCTCAATTCGCGTTTTTCT TTCTTCTTTTTTTTTGTTGTATCTGTGAGCTTTTAAACAGTGTGTCTC TGATCTTCTCCAAACCCTAACATGTGTCCTTGAAGGGATAGTA TTGATTTTATCCTCTCTCTATGTTTTATCTCCC	TC	G	15,3	204	GAAGAAAAAGGGCT TG	51,56	GTTAGGGTTGGAG GA	51,06	41	50	P

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
11	BrPe0011	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_2 1881	2	1767	1782	16	8	14	TTATGTAACCCACTACATGTCGATTGCAGGATAACCCCTCTCTATT CGACTACAATGTGCGAGAATCGAGITTAATGATTTTGTTAATGCAGCTA TGATCCAAGTAAACTCTGAGATCAACTTGTTCTACTCCCTCATTTTTT CTGATTCCTCTCTCTCTCTCTGTCITTTAATCTGGTCTTGGGG ATGTTAAGAAGACAACATATCAAACTTTTGGAAAGAATCTATATGC AAATGACGCTGTCTTTTCTACAGGTAATGTGACAAGGACAAACC ATGTGATGTGGACCATGGGTGATGATTTCCAGTA	CT	G	16,92	79	GTCTACTCCCTCATT	49,2	CTTCTTAACATCCCC A	49,24	44	44	P
12	BrPe0012	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_2 3916	2	1717	1732	16	8	14	TCAACGGAAAGAAGGCCACTGAGAATGCATTCTTTGAGGCCAGTCC CAAGAACAATGACATCATACTCCTCATCCATGGCTTACGTACAGTG ATGAGAGAGAACCAAGGTGGAAGAGATCAGTTTGTATCGGTGGAG AAAGTGATCGACAGAGAGAGAGAGAGGGGAATGGAGAGGCAATG GACAGAGTCAGGATTTTATGTTCTTGATGAAGCTGTGGAGCAGGTCT TTAGCGGGGCTAAGTAACGATAATAACGCAGAGCACAAACACAGA CTAATTGCCATATACCATTCTAAAGCATGAACGTAATTGTA	AG	G	16,72	222	ACATCATACTCCTCA TCC	52,42	TTAGTCTGTGTTGTG CTC	52,67	44	44	P
13	BrPe0013	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 6638	2	2068	2083	16	8	14	TAAAAACCAAACTTGCAGAGGCTTCCAAAGGCAACATTTTTAAAT GCTTTGGTCTCTGATCGAGGTGAGGTACTGATCATTACTCGTTGAGA AAATGCACAGAATCCAGAACATCTCGCATCACAAGTTCATTATG CATGCAGGTGCAGAGAGAGAGAGAGATGATGGAGCTCACGATCA TCAACAAAATTCAGAGGGTCTACCCGATTCCTCCATTAAGCCAAA CCCAGATTTGGATTTTGTCTCTCACACAAGGATATGTAATCCTA TTTATGGACAAAATAAAATTTGATGTTGAATGATTTGA	AG	G	12,69	174	GATCGAGGTGAGGTA CTG	56,1	GGTTTGGCTTTAATG GAGG	55,62	56	47	P
14	BrPe0014	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 0551	2	2151	2164	14	7	12	ACAATCGATAGATGAGACATCAAAATATGGCTGGGAAAACAGTAAC CATAACAACAGGGAAATCTACAAGGAAACAATCCATTCCTATGAC ACATCCCAATTTGATGAGTGTGTTAATCAATTTTCATCAGATCATGTT TTCATGAAAAAGAGAGAGAGAGAGGGAGACAAAGGTAATCAAAA AGATACCATACATCATAAGTTCATGTTACATAATATAAAAAGGTCC AAAGACAGGAAATACTCAAAAGCATATTCTCAATAAACTAAACAC AAAGCCAGAAGAATCATAACTGAGAAAATTGTTTCATC	AG	G	16,3	220	AATATGGCTGGGAA AAC	54,76	TTCCTGTCTTTGGAC CTT	54,96	44	44	P
15	BrPe0015	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 3562	2	2273	2286	14	7	12	AAACCTGGAACCTCCATTGAGCATTCAAGAGAAACCCATCTCAGT CAGATTCAGAGGGAAATGCAAAACAGGCTACCACATGAAGTTGGAG GGAAGAGAAAACCAAGTGTCCAGAAACCAAGACCCACGTCAAAA AGAAAACCAAAAAGAGAGAGAGAGAGCCAGAACAGAAAAGC AAACAAAAGAGGCTTCAAGGAAAGAAGTGCATTATAGGAAAACG GGACGTATATGAACCTACTACGCTCCGTGTTTATATGAATGTCGAAC CAACGAACAACAGCATGAGTCCAGGAGCAAAGCCCTACGGG	AG	G	16,44	203	AAGTTGAGGGAAGA G	51,93	CTGTTGTTCTGTTGGT T	51,76	50	44	M

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
16	BrPe0016	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 4816	2	2784	2797	14	7	12	AAATAAAGGCAGAGAAAGGTAATAATGGTTGGTGGGCTTTGTGAGTA TGTTGAAAGTGGGAGAGGGACAGAGACAGAGAGAGGGACCTTTCA AAAAACCTGGAAAGGAAGCTTTGTTTCAATGGAGGAAACACAGT GAGGAAAACAAAAGAGAGAGAGAGAGCAGTCAAGGGAAAGCAA GAATTAAGTGCACGGATAGGCCAGGACTCATAACTATGTAAGTA AAGAAAACACACATAATGAGAACCAACATAAAGCAAGCACAAAA AAACTGGACACAGAGAGAGAGAGAGAGAGAAAGAGTCGGTA	AG	G	16,99	284	TGGTTGGTGGGTTCT GT	56,29	CTCTTCCTCTCTCT CTCTCT	56,47	53	48	P
17	BrPe0017	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 8007	2	1170	1183	14	7	12	CCAACAACACTCAGTCGATTCCGAGAGCGAACTAGCATTGATCTGC AACGGATGCTCCCATGTTTATAGCGACCACGAACCTGAGTATTGTCT CTCGTTCTCTTTTGCATAGCTATAAAGAGGAAACATATAGAGAGA AAGAGATATATAGAGAGAGAGAGAGGGGGGTTTGTGTTGGAGA GTGAAACCCAGATGGCTATCCAGATAGAGAATCTAGTCAGTCCAT TAAATCGAAGGTTAGAGCCCTGAAGAAGTCGAAGAAGCCGTACATC AAAATGGACAAGAGTGGGAGCGTCAAGGTGCGAGATCC	AG	G	15,07	94	TTGTCTCTCGTTTCT T	52,47	CAAACACAAAACCC CC	52,44	47	50	P
18	BrPe0018	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 5472	2	3884	3897	14	7	12	CCTCGAACAACATCTGTTTCTATGTCAGTAAAGCCTCATGACTCTGTT GGTGTGTCAGAATCTGCTGCTGCTGGTCTGTTCCCTTGCCATCGAA ATTGCATCTGGAAAAAATCACTTGTCTCTCTCTCTCCGAACTTC ACTACTAACTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT TGAAACTTCATGTGATCCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT CCAATGAGATGACATAGATGAGAGACAAGTGTTCATGAGTGACAT TACTTTTGATTTGCTGCTACCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	CT	G	17,3	150	TCCTTCCTTCTCTCTCC CT	51,16	ACACTTGTCTCTCAT CT	51,47	56	41	P
19	BrPe0019	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 9060	2	3671	3684	14	7	12	GAACAAACGGCCAAAATGAGAACCAATTAAGAGAGAAAGGATGGA TGCTTACCTCTCTGCCACAAGGTGACTGAAAAACGGCATCACAGT TTAGTAACCTCTCTCTCTCACGTACCATTGTTGTCTCTACCTAACACT CT CCTTGGCTTTCTCTCCATGCATCAGCACATTTTGTACTTCTCTCTCTCT CTTTTGGCTTTGATTGCACTGTTTGTAGTCTTTTTGGCCCTTCTCT TTTCGAAAATTTCACTGTCTGAGTCTCTG	TC	G	17,47	212	AAAGAGAAGGATGG ATG	50,59	AAAAAGGACGAGG AAGA	51,08	41	41	P
20	BrPe0020	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 0022	2	6276	6289	14	7	12	CGGACGAATAAAGCATCAGGTCAGATGAGGTGACATCAAAGGACCT ACATAGGAACCTTTTTGCTTTACAATCCAGATATCCACGGTGGTGA TGGGGCTGTCACCAATGCATGGTCACGGCAGTAATGTGACGCACCA CCATTAGTGGAGTGTGTGTGTGTATTCAAAGCTGTAAACCAAAAT GGAGCAGTATTTAAGTTGGAAGGAAAAACAACAGATATAAATGGGA TTGCAGAGTGGCTCAGAAGCAGTGTACTGTCTGAAGTGAAGTGGAGG GGCAATGTCTGCCCCTCAAATCTATCTAAGTCCT	GT	G	16,19	300	TAAAGCATCAGGTCA G	48,17	TAGATAGATTTGAC GGG	48,99	44	41	P

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
21	BrPe0021	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 5867	2	1667	1680	14	7	12	CGAGAGATACGAGAGAGCCAGCATGCATCAGTCAAGACTTCTCTCA TCATTTCGAATGGATAAGACGTGCAAGAGCTGGAAAGTGCAGGCCTAA CCTGTTAGGCATACATAAAGGACAAATCCTAAGATTGTGCAACACA AAACTATATATGTATATATATATATACCAACAAAGATTCTAAAGAA AAATGCAAAAAGAGGCATAGTCTCTACGAAGGTAATTCCTTTCCCA TAATTTAAATTAATAAAGGAGTGTCTTAAACAGGTAGGCCACAA ACCGGTGATCATATTCTCATCAAAGTTAATAACTACA	TA	G	16,28	168	ACTTCCTCATCATTCG	50,06	GCTATGCCTCTTTTT G	49,96	44	44	P
22	BrPe0022	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 2201	2	1309	1322	14	7	12	AAGTTAAAGAATTCCTTTTAAACATTATTTGTTTTCAGTTAAATTT TCAGAATTGCGAATTTTCAGCATATATTCTCTCCAATTTTCATGTGG GCAGAATGTTGGATCTGTTTGAATGTCACCTAAGTGGCATAGAAAGT GGAAGGGCTAGAGAGAGAGAGAGGGACAGATGAGGCCGTGAAATT GTTCCAAGATTTACCATTGTTTCTCTATTCCCTTCACTTCCCTTCCA AAAGAAAGCCAACAAAAGCACGAAACAGAGGATTCTCCAAATA TTTCTGATACCTTCTGATAGTGATGGCCTCTCTC	AG	G	15,08	103	GGCATAGAAGTGGA GGG	57,09	GGAAGGGAAGTGAA GGGA	57,09	56	56	P
23	BrPe0023	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_7 76	2	3993	4006	14	7	12	GGAAAATCCCTCGCATTGTTAACCTCATTGTTAAATCATGTATCCA CGGTGAGATACCACCCCAATAGGCCCAATAGCACAGGACTGGACA GAACCATAAAGAGGCATAAATAACCCTAGATCTGAAACCTGAGAGC AAGATAACCCCTCTCTCTCTCTTTCCCAACAACCTCAAGCTCT CTAAGCCCATCACCAGCGTTGAGTCTCCCATCGACAACAACCAG AGCCCTTGACCCTTCTCTTTGTGATGTATTAAGTACTCTCATGA GCATGCAAACATACAAATTTACTAACTAAGTAT	CT	G	16,93	129	AGATACCACACCCAA TAG	52,38	TTGGAGTTGTTGGG GA	51,95	44	50	P
24	BrPe0024	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_8 8799	2	1857	1870	14	7	12	CTCGTTGACTATGTTATTGATACTGTCACAGTGTTCACCTCTTGA GCCCTACCTTTCTCTGCTTAAACTCGACGGCAAGCTGATCTTGATGG GTGTTATCAATACACCCTGCAGTTCTTACACCTATGGTTATGATT GGTCAGTATCTCTCTCTCTCACTCTCTCTCTCGTTAGTCTTTAAA CAGGAGTACCAGTAGTCTTGATGCAATTTTGTTCAGGGAGGAAGAC GATCACCGGAGCTTCATAGGGAGCATGAAGGAGATAGAGGAGAT GCTTCAGTTCTGCAAGGAAAAGGGATTAACCTC	TC	G	14,63	233	CCCTACCTTTCTCTGC TT	54,82	CATCTCCTATATCTC CTTC	52,22	50	47	P
25	BrPe0025	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 0103	2	1683	1694	12	6	10	TGCTCAGGTTCTGAGACTTCTCGTGGATCGGGTCAGCTTTACCTT GGCTCCCCGAAGGTTTCATCACTTAATCTGGCGACGAAAAGAACAG ATTTGCAATCAACAAGCATAATCAGACATGCCAAGGAACAGAACA AGAAGAAGAAGGAGAGAGAGAAAAGAAAAGAGACCTTGGG ATAGGTACAGCCGGTAGTTGGGGCAGACAGAGGAAGCTCAGGTGG GCTGGCTTGTCTCTTGGACATCCATGTAACGCTAAGGCAAAGGT CACAGAGGTTTTCGTTGAGGTCGTTTCGCTGTTGTC	GA	G	17,74	119	CAAGGAACCAGAACA AGAAGAA	56,52	GAAGAACAAGCCAG CCCA	56,87	41	56	P

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
26	BrPe0026	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 1032	2	1793	1804	12	6	10	TCCATTTTGCTCAGAATAGAAAACAGAAAAGAGAGTAAGGGTITTC AATGCTTCTATCACAACTTCTATAATTCGTCAGTTTTCCTTCGTTTTT TCCTGTAGTGTCTACACAACCAACGGGCCATGTTTCCTCCATTGGA GAAAAGGAAAAGAGAGAGAGAGCGCGGAAAGAATAATATCAGAG AAATTGACGGATTTCCACCAAAAAAAAAATGAATACTCGACATTG GTGGAAGCATGAAAAGATAACTTACAGCGAATAGAAGATGGATAA ATTGGCAACGCAGTGAAGAAAGCAGAATCAAAAC	AG	G	19,39	217	CCTTCGTTTTTTCCTG T	53,16	CTTTCCTCACTGCCT TT	52,29	41	41	M
27	BrPe0027	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 21386	2	1635	1646	12	6	10	TACATATCTGATTACGACCGAGTGTCTTCGCGGAAGAATCACTTG TGCGAGGTGAGAATCACTGGTGTCTGGAATAGGATGGCTCATTATA CATATAGCAGCAACTTTTCCAATCTTCTCAACCTGTTGCATTAG ACCATATATGTATATATATAGCTGTCATGATCAATTCAGCATATC AATTCATGTCAAAGGGTTACTAGTTTGATAGAAAGTACTTTGTCT GGCAAAATATGATGGATCGCAGACAACCTTCTTGCAATTGGCGGTTT TCCTTCAGAGGTACACCGATGGCCTTCCCA	TA	G	17,17	103	TCCAATCTTCTCAACC CC	049	CAAACCTAGTAAACC CC	49,12	44	44	P
28	BrPe0028	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 65927	2	1325	1336	12	6	10	TACGCTTTCGCTCACACACTACCAGAACCAAAAAACAACAGCACCC TCATGACCAAGTGTATATTTCTCTCGCCCCACAAGCCATTGGG AGTACCTTATCTGAGCAATATCCAAGAACCAAAAGAACAGGGAA GATACGGTTGCTATATATATAAATATATGATGGCTTAGATGACG CCTCAACAAGAAAATGCAAGTATATCTGTCTTCTCTCTTCTGTG CGGTTTCAGTGGGTGACTTCTCGCAAGGAAAATGCATGTGTATTGT TTGAGGCCAAAGCCAAGTATATAAGCAGT	TA	G	14,16	107	CAAAAGGAACAGGG AAGA	53,67	GAAAGAGAGAAAAG ACAGAGA	53,42	44	40	P
29	BrPe0029	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 885	2	5660	5671	12	6	10	ATTCTTATTTTTTATGTTTGGGAAATTTTCCGATCGAAAACATGT CGGTAGAACCCTTCTACTGAGAATATCAGTATGGTCGGAGTCCGACC CGAGACTTGAATATAAATAAAATGAATATGATTGCAATTTAATTT CCATCCTTACTCTCTCTCTTCTCTGCACCCCTCTCTCCCCTCGCG ATTCTTCTCATCGGATTCATCTCCCTCCCTCCCTCTGAACCCCTT CTTCCTTCCCCTTCTCTCTCTCTTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	CT	G	17,88	187	ATATCAGTATGGTGC GAGT	54,82	AGAGAAGGGGAAG GAGAA	54,85	42	50	M
30	BrPe0030	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_7 592	2	2640	2651	12	6	10	ACCTGTTTTGATGGTTTTGATATCTAGGGCTTGTGAGTGGGCA TGCTCTCCATGTGCTGATGTGTGCTTTCGCGGAGAGGGCCA CCTCTGTCTTCCCAGAGCAAATAAATGGCAGGCACATTCTCTCT CTTCATTCTGCTCTCTCTCAACTTGATTCTAAGATTCTCAAACACT TTCTTGGATCTGCGGAAGACTTTGAACTACTGCATCACTTGCAGCT TGCTTGTAAATTTCTCATCAGGTATGTGTTCTTTACTACATTACTCT AATTCACATGTTTTTGGGTGCAATGATT	TC	G	14,58	91	GCACATTCTTCTCTC TTCA	54,75	AGTTCAAAGTCTTC CGCA	55,21	40	44	M

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
31	BrPe0031	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 718	2	3664	3681	18	9	16	AGTATTTTGGTACTGACAACATCTGGGTCGAGTCCTAGCATT GATTTTGGATTTTGGACGATTTTATGGTTATTAGAGGTCGGTGGGT GTGTTAGTTAGTAAAATTATCGGAATTAGAATTGGTTTTGAAGATA AAAATAAATTATATATATATATATAAAAAGGATGTATCCAGTCAA AGACCAAGTATAGAGAGTCTGCCGATAACCTTTTGGGGAGTTGAAT GTTCTAGTTTACTCCAACTAATTCAAAGTAATCATTGATGTTGT GACTTTGAGAACTAATGGGATTCACCTAACTAATGAG	TA	G	22,84	152	AGGTCGGTGGGTGTG TTTAG	59,9	CATTCAACTCCCA AAAGGT	58,9	55	45	P
32	BrPe0032	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_8 614	2	1940	1965	26	13	24	TTCGATTTCGATCAACCTAACCACCTCTTTATCTCTTGAAAAAAT GTTTAATTTATCTTATAGACAGCTGATTGCACAATGACCAATGTTGT CCATCAGGAAGTTGGTAGAGACAATAATTGGGAAAAAGAAATCCT GAATCAGTCAATATATATATATATATATATATATATATTTGTACGTCGTC GAAGCTACTTGTGCTCTAGTTGATTTTGACAAGGTGCTCAGCTTCT CCTTCTCAAAGCAAGCAGTGACCATGGAAGTG	AT	G	20,44	156	TTGCACAATGACCAA TGTTGT	59,9	CTGAGCACCTTGTG AAAATACA	58	38	41	P
33	BrPe0033	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 3192	2	691	706	16	8	14	TTTTGGTCTCTTTGGAAACCTTTGTTACATATCTCACATAAGAATCTG TTTGTAGCCATGAGAGACTTGGGAGATAGAGCAATAACTTCAGCAT CTGGATCTGTTAACGTTAATTGTTATAAGACATATACGAAAGCTCTG AGTTAGTAGATATATATATATATATATTCAACTGTAATTAAGCTTTTA TTTCAAGAAACAATATGTATCAACACAATAATAAAGAGAGAGATA GTATAATGAGCATGGTGTAAATTACCTGGTGTCTCGTAAATTTCT CTCTTTTTGGCAACCGGATTTGCTGTATGTTAG	AT	G	18,35	244	GCCATGAGAGACTTG GGAGA	60,3	CGGTTCCAAAAAG AAGAGA	60,4	55	45	P
34	BrPe0034	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 0319	2	1319	1348	30	15	28	CATTGCTCATAACAAGCTGGAGCCATATGGATTTAACAACACCTGTGG TGAAAAATGGAACCCACAATATCTACGCAAGCAAGTTGCTGTTTCC CCTCCTCTTTTTGCTCTTATAAAATGAAAGATTGCTTGGCCTCAG ATATTTAACCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTTACCATGAA GAATACACTCTTTGAATATGTTGACTAAGTCGAAAAAATTGAGAAA CCAACATAAGCAGCCAATGTGTCAGTCCAGGGCTCCAGCATTGATA ACAATTGACAGTGTGTGAAAGCAGAGCTCGAACTCCATCTGAT	CT	S	17,2	230	CCTGTGGTGAAAATG GAACC	60,2	GAGCCCTGGACTGA CACATT	60,1	50	55	P
35	BrPe0035	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 5978	2	838	849	12	6	10	TCAGGGGAAGTGAATGGAGCCATGGGGCAATTGAGAATGCGCAT CAAGAACAAGAACAAGTACAAGCCAACGCTGTTTATAAAAAATGGAG ATTATGTTCCCTCAGATGAAGGGTTATTTGGGTCTGGATGGTGGC ACCACATCCACTGTGTGTGTGATTCCTTCTTCCCTCCTCAACT ACCCACTCCCGATCCTCTCCCGTCTTAGTCGTGCTGTGCTGGT TGTTCCAATCACAATAGCGTTGGAGGTATACAGCGACCATCACCAC TCTTTTGTGTGATCCTCTGATTTGGTGT	TG	G	17,1	172	AGGGTTATTTGGG TCTGG	60,0	GAGTGGTATGGTC GCTGTA	59,7	50	55	M

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
36	BrPe0036	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 8091	2	1713	1724	12	6	10	TTGGCTTACCGAATATCATTTAGCTTATTTTAAAGAATTTTGATATT TATTTTCATGGATTTCATCTTTTCGTGCCAATATTTTGAATTTGGTCTC GGACCTTAAAACCGAGAATTTGAAAATTCGAAAATTATCATTCTCTCA GGCTTCATCTCTCTCTCATCCAATATAAAATGGACATATTTCTCT CCAAACTCAACCAATTAAGAATTCTTATCACATTAGAACTATCTC TTTGTCATCGCTCTTTTCTAACTAGACTCGTCGGCTATCTCGTCAAAT TTTGGTGTGGTGGTATTTTTTAT	TC	S	19,1	202	TCGGACCTTAAAAC GAGAA	59,7	CAGCACAAAATTT GACGAG	59,3	45	45	P
37	BrPe0037	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 8141	2	2106	2117	12	6	10	CCGGAAGAATTAATTAATCATGATTCTAATGGTTGACACATGTTGTG CATTATTTAAGAGACATAGAAGGTTCTGATAATGCAGCGAAAGAG CTTAAAAAGGAAGCATGATCTTCTTACATGATCACTAATTCATGC AAGTCATGCTGTGTGTGTGTGAGACCCAGACATGCAAAATTTCTCC CTTGTCTAATAGAAAAGGTAGACAAGATTGCTCTCCATCGATCAATG TGGCTCACGAGCCGATCTTCTTTGGGAACGGCTTAATTACCCAA GTTGCAGAGCAAATGGAGTGTGATCTTTATT	TG	S	16,55	230	TGATAATGCAGCGAA AGAGC	59,2	TCACACTCCATTGTC TCTGC	60	45	50	P
38	BrPe0038	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 2014	2	6095	6106	12	6	10	TTATCTAATGAAGGAATTCCTTTTGTGTTTGGATATTGATATTAC CATTAAATCATTGATACCTCTAAATCATATTTATGAAATATGATAT CCATTATCTAAAAGTTTCTCCTAAATATCGTATATTTCAACTTTTCG TGTGTGCATATATATATATTGTTTCATGTACAATGCATAGAAAGTGA AGAATTACAAGCCACAATCTCCAAAACAAGAAAACGTGAACCACT GTTTTGAAAACATCAAGCTTCTGAAAATTCAGTTCATCTCTCCAA GCAACAACAGCATGTATTATATGTGTTTG	AT	S	16,1	162	TTTCAACTTTTCGTGT GTGC	57,4	TGTTGTTGCTTGGAA GGATG	59,7	40	45	P
39	BrPe0039	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_6 9859	2	1362	1373	12	6	10	GTTAAGATCTTCTGGTTTTCATTCTTCCAATATGTTCCACGCATTG GTCCTACTTCTGTGTATATATATGCAAGTTGATCGGCTGTCCAC TGTGAATGCTTTAATATTATCTCGTGAATCTCATATGCTGCATT GCAGAGATATATATATATGATATATCGCCTCATAACATCAGAGCCAT GCTTCTTGAAGGACATCAGAGTACATAAAATAATTGCAATGCAGG CTCTGCACGGTTTGTCTACGTAATTTCTACTGTGACGGGGCTAGGTT TTGAAGATACTATACGCATGCTTTTACA	AT	S	20,23	198	GCTGCTCCACTGTGA ATGTC	59,4	AACCTAGCCCGTC ACAGTA	59,6	55	55	P
40	BrPe0040	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_6 4549	2	5670	5681	12	6	10	CAGATGAAAGAGAAGTACAATCAGATGCCCATCCATCAACTGTAG AAAAACAATTGATCACTAATTACACAATAAATCTTGTGCATTT CAAAATGTTTCTTGAACAAGATTGAATATTTGAGAATTAAG AAAAGGTTTGTATATATATACATAGTTAGATGGATAATATGGGT CATGAATCATCTACTTGTGTAACACCATATGTCTCAGTATAGATTCT CCATGCAAAGCACACCCGTAATTATAAGGAGAAAACGGATACAA AAATCACACGATCGAGTTTGAACAATATGCAGC	TA	S	17,12	229	GCCCCATCCATCAAC TGTAG	60,3	TTACGGTGTGTGCTT TGCAAT	60,2	55	45	M

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
41	BrPe0041	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 558	2	2068	2079	12	6	10	ACTTTTCAAAACTATGGTTGGATGCTGTAACCTACCATCATTCTCGCG TACCAGACCATCAAATTTATAGCAGCTGAAGATCAATAGATCATTG ATTCTCTTTATCTTGTGCATCTTTACCCTCTTTCTGTGAACATATCCC AAGAAACAAAGAGAGAGAGAGCGGACCAGACAAGCATAGATGTAA AAGAAAATGCTGACAGCTATAGATATTGACATGGAGGGAATATGGT TGGACTATTAAGCAGTGTGGGGGCAAGAAAAGTTGAGTGAAAAG GAAAGTCTGCTTGTGGATGAGGGTAGAGGGTCA	AG	S	14,57	194	CGCGTACCAGACCAT CAAAAT	60,9	GTCCAACCATATTC CCTCCA	59,6	50	50	M
42	BrPe0042	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_9 73	2	951	966	16	8	14	TGTGTTCTATGTTACTCGCATCGGTATTCCGGTCAAACCTTTATCAACA GGAATCAGTGTTAATCCGCTTCTCTATCCCGAAGTTTAAATTAATT ATTATAGTCTCACACATGCATTCATTGTTTTCTTGAAGGTTACA TCATACGGATATATATATATATCTATACATGTCTACAGGATTA CCGAGGAAGGCTAGAGATGGGAGAGCAAACAGTCGTATATGC ATTAGCAAGTACTGCACCTTTTTCCAGCATCGCATGGGAAACCCT TTTGTGTGCTACCATGTATGATATGACTGTAACA	AT	S	20,92	157	CATGCATTCATTGTT TTCTTG	59,5	GATGCTGGGAAAA GAGTGC	59,8	30	50	P
43	BrPe0043	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 764	2	655	670	16	8	14	AATCATGATTTACTTATCTAATAAAAAATATTATTCATGGTC ATCATATTTCTAACATGGAAAAAATTATAATTATTCATACATGGATG CAAAATCGATACTGAATTAATATTTATAAAAAAATAATTTATCAT ATTGGTATAATATATATATATATTCCGGTAAAGTATATATGAAGC ACGTGAGTACTTGGCCTACTAGGCTATTAGTACATGTGGAATTCAT AATAAAAAGGTGACAACGCGTAATGAGGTTTGAATTTCTTGGTCCG TTGTGCTGATGCTTGAACATTGACTTCCAGGTTT	AT	S	15,05	202	TCATACATGGATGTC AAATCGATAC	60,0	GCGGACCAAGAAAA TTCAAA	60,1	36	40	P
44	BrPe0044	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_9 106	2	637	648	12	6	10	CAACTGTAATGCAACAAAGTATACCTGAGGACGCTAAGAGCCCAT TGCAAAACAAACAGCAAAGAAGAGGCTAGCCTTCATGGTTAATGTG TTCAGGATTGAACGATTATTGCCACTGTGTATATAGAGATGTAAGT AAGCTCTTATGTATATATATACATCCAGAGAGGGGATATTTAGAC AAAAATCCACCAACATTCGGTGGTCCATATATAGTGCCAAAGAAAG ATTGCAAGTGGGGCTTTACTTCATCATTGCACTACCTCTACAAAAT CTGGAAACCCGTGTGCGGGTTTTAGTCTTTTT	TA	S	15,74	223	GGACGCTAAGAGACC CATTG	59,7	TAAAAGCCCCACTT GCAATC	60,1	55	45	P
45	BrPe0045	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 0566	2	5675	5690	16	8	14	ATGAATGTGCTATCCGCTTCCACTTTACCAGCTCTTCCGGACCTCA AACAAATTTGGTTCTGTGAGAGATTCATACTAGTGGTCGAAACTATG ACGAAGATTATAGAAATTTACCAGAGATCTTCTTGGCGTTGGATAAA TAGAGAACAGTGTGTGTGTGTAATGTATATCTACACACATTGT GCCTGTGTGGTCTCTAGTTTTTCAGTTAGCTGATCTCTGTGGCTT TGCAAGAAAGTATGTGAAAAATGCTTTTTACGCTTCTCCTGCCTC ATTAATATGCATTTATATCTAGGCAACTTTTAG	GT	S	18,41	187	CGCTTCCACTTTACCA GCTC	60,0	GACCAACAACAGGC ACAATG	60	55	50	P

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
46	BrPe0046	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 4107	2	1996	2009	14	7	12	CTATATGCATTAACAATATTTATCCATTAAACACACATGATTA CTTGTATTAACATATATAATTAATTTCAAAAACATGTGACACAATA GTGAGTTAACGAACAAAATGCAACATTCAATATACACTTCAATA TGTGAACAGCCACACACACACATCATGCACAAGCATGCTCAACA AGCAAGATTAACATACAACCTCCACCTCACATATATTTAATTTGAACA AGATCAAACCTCAACAAAAATTAACACAAGAAGAACACCACATA AACCATCCATAAGATCAACCAAAACACAATAAC	CA	S	21,95	185	CGAACTAAAATGCAA ACATTCAA	59,2	TGGGATGGTTTATG TGGTGT	60,0	30	43	M
47	BrPe0047	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 9032	2	1868	1885	18	9	16	CAACTCAAATGGGCCATTTCTTTCTCTCATTGACTGACTTCTGGC ATATTAATCTGCGACTACAGAAAAGCTGAAGATATGAATTATCACT CAGTTTGGCTTGCATGTTCTTGGGGATTCATTCTAGGTTTGTCCAC CACCCCTTCTCTCTCTCTCTCGCTGCCAGCAGCATTTCCTAAC TCATGCAGGATTCTGTTGGTTGATCTTATGTATGCATGTTAAGTT GGTGTGCTGTTGTTTCTCAGTGCAGGCTTGATATTGGCTTCTGG TTTTGTCCCTGGGATTTTGCTTGCAATT	CT	S	18,22	195	TGGGCCATTTCTTTTC TCTC	59,2	GAATCCTGCATGAG TTGAGGA	60,0	45	48	P
48	BrPe0048	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 2454	2	1160	1181	22	11	20	TGTTTAGAATGAACAGATTTAACTACTTTAAACTAACTCTACATC ATTAATCTTTACGTTATCTCGAAACACTCAATAAGTGAGATTATA ATTTGATATTATTAATCTATTTGTTCAAATGAGAGACCTTAATTATA TACTTTCTATATATATATATATATATACCAAAACTCGGGTTGCTT AAAATAATGACCTTCTTAAACGAAATTTCCACTAAAATGTAGTTT GGTGTTTTTTAGAAAAAATTCAAACGTAATAAGGATTAAGTGG AGGCCCTATGAAGATGACCTGGTTGGCAGGATTGCAACC	TA	S	16,83	150	ACATCATTAATTTCTT ACGTTATCTCG	58,3	TTAAGCAACCCGAG TTTTGG	60,1	30	45	NA
49	BrPe0049	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 2555	2	1496	1513	18	9	16	AAACTCTGCAGTACTGATCAAAAGCTTACTTGTTTCATTTGTAAAAGC TTGATGACTTCTGGTGAGCAAATTCGGTTATGGTGGACTATCTTGA GTAATCTGGGAATCAAAACCATGCAGTGCCTGCAAGCCACTGGG GGAGTACTGTTATATATATATATATAAGGATATCCGATTCTTTTG CCTCTTCTTAACTCTTTATATGTAACGATGTTATCAAAAAATATA TGTGACGATGTTGCAAGTGCCTGGGCTTCTAACTCAGGAGTGAGT GGAAGCTGGGAGTTGCTTTCTGGCTGCAATATGA	TA	S	16,88	193	GGGAATCAAAACCAT GCAGT	59,8	CTCCAGCTTCCACT CACTC	60,0	45	60	P
50	BrPe0050	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 2748	2	930	943	14	7	12	AAGCTCTGCTCAGGTTGACCTGCAGCAAAGGTGTTGCATCGATAGT ATTTGGTTTTCTAACCATAGATTCAAGGGTATCTTTGGTGCTGTTTCT AGTCTGCTTCTGACAAGATTTATTGGTCACTTCTGGGGTCGAGTGT TCAGTTGGCTGTGTGTGTGGGACTCATTGGTCACTACATTGCT AATCTTTTATCATGACTGCCAAACTGTATACTTTTATCTAGATGAGT ATAGCTTTTCTGGTTTGTCTCGCTGAAGCTTTATGTTAGAATACC GTTGGCTTAAAGATTGATTGCATGAAATAA	TG	S	14,59	199	TCAAGGGTATCTTTG GTGCTG	60,1	AGCTTCAGCGAGAC AAAACC	59,6	48	50	P

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
51	BrPe0051	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 6	2	2628	2639	12	6	10	TATCAAATGCTGATTAAGTGTGGAGGATATAGGTTGTTAAGAAGA GAAAATCGTTGGTTCCCTTATAGTCATTTCTTTCTATCGTGACAAC TCTGTCTTGTCCCCACCTTTTAGCGTTCTGGGGCCCTACTTCAC TATATAACTATATATATAAATCACTATATACCTTCTTCTACCTTCG AAGGATGGAGGGTTCTACAGCGAAAAAGCGTCGAAGGGGTCAT CCTGGTTACTGAAAAGTCGTCGACTGCTCGGTGACCAAATCAGA GAGGTTTGACCCTTCTCTCTCCAGC	AT	G	3.892,26	198	GTCTTGTTCCCCACCT TTTT	60,2	AGCGGTCAAACCT CTCTGA	60,0	50	50	
52	BrPe0052	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 43	2	393	406	14	7	12	GAAATGGGAATGAATATGATGAAGCCATTCAAGGCTACAGAAAC TCCTCAGGTAAAAATATCGCTCGCTAAATGTAAGTACCTAGCCTT TTGTTTCTTAATCTCGGACCCGACCTTCTCAGACATATGTGGTCTT GAACTTGAATATATATATATGACTCAAGTACCGTCTGCTACGT TATTAAGTGTCTCTAGCTAGGTTTCATCAGACTGTACTTTTGAA TGATGTGTGGTTGAGTGAAGACAGAGTTGAGGGCCAGTGCCGC TGCTAAAGTGTCCAAGGTTACTGCTGAGTTAAA	AT	S	16,44	182	TGATGAAGCCATTCA AGGTC	58,6	GCAGTTTAATAACG TAGCAGACG	58,2	45	45	
53	BrPe0053	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 38	2	10514	10525	12	6	10	CCTTGCACTTTCATAGCATAAACCTTAGCGACTTCACTCTATTCT ACCTGGGTCACGAGCTCAGCTCGGAAGTAAACGGAACCTCTCTTT TGCTCCAACAGTTAAGTCAAGGGCTACGAAAAAACCTTCCCTCCGTA AGTTCCTTACTCTCTCTCTTTAGAGCTTTCAGGTGAAATGAACCA ATTCACCATGAGTTCGATTTGAAGTTCAGGCTGGATTTC CTTAGGGAGAAGTAAATCCTATCTCATCTTTCCCTCTATGTCA TTTTGAGACAAAAAGAAGTAGGGATTGA	CT	S	288,74	197	TTCCTACCTGGGTC CGAG	60,1	TAAGGGAATCCAG CCTTTG	59,2	55	45	
54	BrPe0054	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 91	2	1431	1444	14	7	12	GCCTGAAAAATTTCTGCATGGGATCAGACGGTTAGATTTTCCACA CCAACATGCCACTTCAGTTACCTTTTCTTAAATATGGTAGCGTGT TAAGAACGATATGCAATGGGATTCATAGTTAAAAGATGAATATAT TACATTACAAGAGAGAGAGAGAGCAGACCTGCACAGTTGCATGGAT TATAGAGTTGAAAACCTTCTATTGTAAGCAAGAAATGATATGCTCCGT TTTGACATTCTGCAATCTGAACGTATAATTGCATGCTGCTTTCCCTTA TCAATTACTGCATAAAGTATCTTTTTTCT	AG	S	15,97	230	CATGGGATCAGACGG GTTAG	60,3	CAGAATGTCAAAC GGAGCA	59,8	55	45	
55	BrPe0055	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 50	2	4214	4229	16	8	14	ATTATACATATGATGACAGATAAATCAATTTTCCAGTAGAAAATA CAAAGATGGATTTTGAAGATAAGAGTATACGTTGGATATAAAA ATAATTATATTTAGCATTATTAATTAAGATCTAATTAGTATATA TAGATATATATGTGTGTGTGTGGATCCAGCAGCATTAGGTTTC CCCTCCGTTGGATTATTTATCGCGTTGCTGTGTGATGTTATATGC TTTCAGCCAAGCAAACCTTGACTTTCAGTTCTGACTTTTATATTAG ATCCATCTCACAAAAGCAATCGGTTTTCTCTTA	TG	S	16,03	172	TTCCAGTAGAAAAT ACAAAGATGGA	59,5	ATAATCCAACGGAG GGGAAC	60,0	30,8	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
56	BrPe0056	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_7 60	2	4588	4599	12	6	10	CTTCTCCTGTTCATGTGAAGGATTGGGACACTTCCATGGTCACT GCTTGCCTTTGGAGAAGGAGAAGCTGAGCACCTGTCAAAATACAAC TAGAGCATACAAGTAGTTTCGCAGACGTTCAACAATATATATATTG GAGATTAATCATATATATATATTGGAAAAATTGTATAAGTCACGTCA TCTGACTGTTACCCGTGCATTTATTTGCTGTAGAAAAAAATTATCA CCAAACCTAATAAAATTTATTTCTTTCCAAAATCATAAAAAGATTCC TTCTCATTTCGAAAACCAATCCCTTGGT	AT	G	442,47	204	GTTCGCAGACGTTC AACAA	59,9	ACCAAGGGATTGGG TTTTT	58,7	45	47,4	
57	BrPe0057	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 372	2	581	596	16	8	14	TTTTTAATGCAATGTGAAGGTAATATGTGTCTACCAGCTCGAGTC CTGATTGCCAGCTTACAAGTTTGTGGAGCAACATGGGGTCGGAC ATAATTTATGATATTGATAAAATTTTCTAAAAAGTCGGGATGGAA ACTTCATCCTTATATATATATATAAAGAAAGTAAATATGTTAAT TAACAAAAAGAATGACTTGGTCTCCGTCTTTATGTAAAAATTTATA TGTA AAAACAACAAAACACGTAATGACATGACTAATACGCAGAGT ATGAGATGGGTTAGAATATCAACCCAGTATCCAAT	TA	S	48,01	179	ACCAGCTCGAGTCCT GATTG	60,4	CGGAGACCAAGTCA TTCTTTTT	59,6	55	40	
58	BrPe0058	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 177	2	3899	3922	24	12	22	TTAAAAAAGCTGAAAAATGAGAAATCCACACACAGGCTAACTCT AGATGACAGTAAACCGATCGAGTAAATGAGGGGATTGTACCTTATA TTCTGATGATATCGAAGTTGTTTGACGGAAGACACTGATAGTTCTCT GAGGCAGATATTATATATATATATATATATACACACATACATA TATATATTTATCTGAAATTAATTTACTGCATAGTTGGGTCACAAGT TAACCCGAATTCCAAGTTTCTTATCATAATTTGACCAAAATGCTGGA TACACATACCCATATGTAGCCATGCTAATTTGGTATGCTCCGG	TA	G	16,13	186	GATCGAGTAAATGAG GGGATTG	59,8	TGGAATTCGGGTTA ACTTGTG	59,8	45,5	42,9	
59	BrPe0059	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 888	2	3583	3598	16	8	14	AAAAAGGTATATGGTAGAGGAAACAGCTTACACACAGGAGAGGA TGACACAGTTTCATATATACCAGTAAACATGGAATGGCCAAGCTAT ACTGTAATGTGCAGTATTTTTGCACGAACCGATCCAAAATTTTA AGATATCTCCGTATATATATATATATAAATCAAATACTCGCTTTTG ATTA AAAAAAATAAAAAAGAGTAAGAAATTTACCTTTCCAGCATATT TAATTTAAATCGGAGATTTC AATTAATCGGCCATACTGTAGTGAAG ATGAATCTGTAGCCGTAGCCAGCAAACCGTGCTTTACC	TA	S	16,62	153	TGGAATGGCCAAGCT ATACTG	60,1	TGCTGGAAAGGTAA ATTTCTTACTC	59,3	47,6	36	
60	BrPe0060	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 995	2	2250	2273	24	12	22	AGGTGTGAAGTTGCCTCTTTAATTCCTGGTCTCAGGTAGTTGGTCC ATCTAAGCCTGCAACTTTTGTGCATCTTAAACAACCTTTTTCAGAG CAGAAAACAAATAGATTGATCAATTGAACAAAGAGTAATTTATGATT CATATTGAACATATATATATATATATATATATATGTTTCATGTTGAG AGTTTTTACCAGTGTGGTAGGCACTGATCTCCAGTTTCTGGACCA TGTTCTTGGATGTAAGACACTAGGATGATGTCTCTCAGGGGTCCA TGGACCTTCTTGACGCCAATTTGTGCAACAAGGAGGTCTT	AT	G	16,49	173	GGTCCATCTAAGCCT GCAAC	59,7	TCAGTGCCTACCAA CACTGG	59,7	55	55	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
61	BrPe0061	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 067	2	2561	2572	12	6	10	AAAGCAGCCAAGGACTTCTCAAATAATTAACAGCATGATCATTT GCCGGTGTACATATATTTTTTCTAGTAAGAACATTATACTTTTCAG GTTGATGCAACTTAAATATTTTAGTCATGCCCGCAGAATGTACTGC TTAGTTTTCATATATATATATTTTTTCTATTTAAATTATTGGTCTCA GGATGAGTAATCCATCAGATAATATTAGTCAATATCATATTAATAAT GCACGCTATTCACGAAGGTCACAGAAGAAACACTTCATCAGCATCC CATACAAGCTTCCATGTGAACCTAACCTTCC	AT	S	16,64	171	CCCGCAGAATGTACT GCTTA	58,9	GGAAGCTTGTATGG GATGCT	59,2	50	50	
62	BrPe0062	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 320	2	3141	3158	18	9	16	GCCTTCTATATATACATATATATGGGTTTTAGGIGTGTGCTTACA ACGGGTCAITCGCTTGCAATCACTAGGAACCTATATCATAAATA TTGTTGGGACCAATTTGAACCATGTAATAATAATAATAATAATAC GAAATTAGCTCTCTCTCTCTCTCTTTAAAATTAATGCTTATAAATA TATATATTAATACATACGGATTACAACAGGTTTCGATCCAAGTAATGC CAACTAGGGTCTTGCTATTTTTTCTTTGATAAGAAGGGTCTTCCAAT TCTAAACATGCAGGTCTCTATATGGTTAGAAG	CT	G	15,28	216	GTTGTGCTTACAACG GGTCA	59,6	GCAAGACCCTAGTT GGCATT	59,2	50	50	
63	BrPe0063	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 859	2	610	627	18	9	16	AAACAGTTGCTGGAAGAGCTAGAAGACCTTAGAACCTTTGGCTCTCA ATGAACGTGAGAGGTTTTGACCAGGCAAGGTTGAGAAAATTTCAAG TATAATTGACCTCCATTGACCTCCAAGGGCATTGGATCGTCACTTG TTCTCAAGAGATCTCTCTCTCTCTCTCTTTTCCACTGATACCGCA TGGTTTAAAGTCGTTGTTGTTGGTAATTATTAGTTTTAGTTTTTTTA AAATGATCGATTAGAATTTGTTGGATATAGAATATCTCTTACTTCCA TCAGGAAGGAAAAAATCATCCAGTTGATCATCGTA	TC	S	16,09	183	TTGCTGGAAGAGCTA GAAGACC	60,2	CATGCGGTATCAGT GGAAAA	59,5	50	45	
64	BrPe0064	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_7 951	2	162	173	12	6	10	ATATATACAGACTGCTCCAGATTCCAAGGAGCTAGTTTTTCATCGGTA TAAGTACAGAGAAACCTGATTACGAAGTAGGAGTTGTCTCAGGTAC TATATATATATATCTTACAAATACAAGCATCATTTTATTCTTATTC ATCATATATTATATATATAATGGATACTTAATGCAGCTGATGGGA AGAAGCTACTGCACAAGACGGATCTCAGACAGATCGCTGTGTCCT CAGCCACGAGATGGCGTTACACAAAAGTATGGTACTATATACGGG GAGTCTGTCTCATCAACAGTTAATTATGAAAT	TA	G	24,54	179	CAAGCATCATTTTTAT TTCTTATTCA	058	TGATGAGACAGACT CCCCGTA	60,7	23,1	52,4	
65	BrPe0065	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_8 380	2	2009	2020	12	6	10	AATACATTTACATGAAATTTGTAACCTGTGATAAAGACATCTCTGCA GCAAACCACTCAGCTCCTGGAAGAGACCTTGGCCCATGCCACGTGG AATTTCAACTTGGCTGAGAACTTGGCTTGAAGAGTCTTGAA GAGAAAAGGGTCTCTCTCTCAGATTGCTTTTCGGCTAGTACAAGA TTGATAATGGCATTGCTGCTGCTTGACGAACCTGTCTTCTCTGCTA AACATGGCTTTATGCACAACCACTATGCAGTAATCTGTGCTATCAG GGGAAAAAGGTTAACAATTTAATAATGGAA	TC	G	17,23	152	GACATCTCTGAGCA AACCA	60,0	TCTTGTACTAGCCG AAAAGCAA	59,2	50	40,9	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
66	BrPe0066	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_8 705	2	4428	4445	18	9	16	CAAAGGTTATCCGATCTTAAATCTTGATAAAGAAATAGATTAATTT CAACAAAACACAACCTTGATCCCCCTACCACCTTTGGCATATCAAAG CAAACATGCAGCTTGAATCCAACCTTAATGAGGAAATTTGAAGTA TTCTTGAAAGCACACACACACACACATCTTAAATCTTCTTTTGC ACTAAATCCGCAATAGATCCTCAATTAGCTATATCCTTGATATCAA AGGACACAAAAATTTCTGCTGCTTCTGCAACTGAGAAGAGAAT AACATGAAAATAGCAATCAAGTTAGACTCATAAAGGAC	CA	S	18,55	206	CTTGATTCCTCCCTACC ACCT	60,2	TTGCAGAAGCAGCA GAAGAA	60,0	55	45	
67	BrPe0067	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 1724	2	757	770	14	7	12	GTTGGTGCATCCTTATACCTGTAATAATCAGAAAAGCAAATATAGA ATTAGAACAATAATGTAATAGAAGGTGACCATTAAATATGATGAAAT GCCTTGATATAAGTGGTAATCTAATGATATAATGTCATTTAAAATT GATAGTTGCATTATATATATATAATATTGTTTTATGAATAATGTA ATTTGTTATATGTGATACAACATTGAATATAAAGAATATACAATGG TAAGAATAAAAAATTTAAGAATGTGGAGTGTGGGATTTGAACCCAC GCCCTTCGGA	TA	G	15,83	224	GAACAAAATGTAATA GAAGGTGACCA	59,7	TTCAAATCCACAC TCCACA	59,9	34,6	45	
68	BrPe0068	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 1772	2	829	846	18	9	16	AGCCGAAATTATCAGGTTGAACCTGCCTCAATTTAATGGTGCCTA CTTATCACAAAGAGTGACGGATTCTCCCTAATATTGCCCAATGCATA ACTTGAATATTCAAATTCATATCAATAATGAAATATTACTTAGTGTG GTTAATATATGTGTGTGTGTGTGTGGAAAGAGATGCGGCTAGTTC AATTATTTAAAGAATTCCTTGATATAGCATAAAATAATATATGGGAA AAAAATAGAATAAGATAAAACAGTACAGATAAAATGTAGGGCTTCA ATTTTTCTTACGATGCCATTATTTGTGCTACTATTG	TG	S	21,3	190	AGCCGAAATTATCAC GGTGTG	60,0	TTGAACTAGCCGCA TCTCTTT	59,1	45	42,9	
69	BrPe0069	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 2360	2	414	429	16	8	14	CGAAAGGTTCTGTTTACATTGTTTCGAATCCTGATATTTGATTAAGAAA AAATGAGCCCTAGTCACTCCACCATTCATTTCTTGATACAACATTC TTATTCATAAATGACTAAAATATTTGTAGGAAAGGAACCCGCTCTT CATAAAATGATATATATATATATATTTCCAGCATCTCCATTA AAAACG GCATAAATCAAGGTTAATTAGAGCTACATCTTCTACTTAATAGT CCAAAAGTTATTATTAAGTAGGCTGATGATTTTGGACTGTGTGTTTC TTTGAATACAACCTTTATCACAGTCCACTAAAA	AT	S	13,24	153	GAGCCCTAGTCACTC CACCA	60,3	AAACCTTGATTTAT GCCGTTTT	59	60,0	31,8	
70	BrPe0070	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 3447	2	508	519	12	6	10	ATCAGTTCAGGCAAAGTTTACAATCAACTCATCCATGAACACAAGG ACCCCTGAATAGCAAAAATCAGTACTTATTTGGAAAAATAAAGAA TCAAGGAAACCACTCACCTTTTATTTATCTTACCAGAATGAAAAGAG AAAAGGGAAACAGAGAGAGAGCTTAGCTTTCACGGCTTCACCTGT ATTTTCACGTCCAGGATGGTCTTTAAGCCTCAAGCAGACACATAATC CAAGAAAATGAAATACAAAAGGTAATCAAGACAAAACAATGAGC CATCCATGATATAAGGCGGGTCAATCAGAGGCAGC	AG	G	017	166	CAAGGACCCCTGAAT AGCAA	60,1	AGACCATCTGGAC GTGAAA	60,5	50,0	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
71	BrPe0071	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 4006	2	745	760	16	8	14	TTTTTCTTTTAAATTTGGGCAGCTGCATGCAATAATAAGCACGCT ACCCAGAAAAAGAAAGAAATTAATGAAATAAGCATATTGAATTCTA CAATAGTTTATAATTGTGGGAAAGCGCATCAATGATGGAAAGACTT TGGTTCTTGATATATATATATATATATCATGTTAACTATGCAGTACA AAATCAAGGGTCGAATTAATCATTTCCTTTAAACAGTGATTTTGATT GATTTTGATTAGCCCTCCGCATGCGTAAGTTTGTCGTTGGTAGAT GACTACCAAATTCATGCATTAACACAGGTTTATCA	AT	S	18,82	107	ATTGTGGGAAAGGCG ATCA	61,4	GAAATGATTAATTC GACCCTTGA	59,3	47,4	34,8	
72	BrPe0072	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 4239	2	640	655	16	8	14	CTCGAAATCAATGGTTTCCTATATATATCATCAATCTCATGGGTCT AATAATACATAATTGGTTTGTGTGCATCTATACGGTTTCGTGAGACT CAAGCTTCAATTCAGTGTATGCTTCGGGGTTTTAGATTAGTTAGGT TTCTTGGTAATATATATATATATATCGTTAATCTTCAATTTTCGTGGG AGTCTTCAGGTAATAATTCGCACTTCAGATAAATGCTGCCAGAAGAT ACTTTTTTAAAGCTGCATCTATAATATGATACAATGCACGACCAAAT CCTGCTGCAGAGATACATAGGATATCAAGGAAA	AT	S	12,19	179	CAGTGTATGCTTCGG GGTT	60,0	AGGATTTGGTCGTG CATTGT	60,4	50	45	
73	BrPe0073	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 5030	2	3113	3134	8	4	6	ATGAATTTGAATGAAAAGCTGGTTGATATAGCTTACTATAAGAAGA ACAGCTGTTGCTCAAGATATACTACTTATAGATCCCAATCTTCATCAC CCTCCTGATATTTTACATTACTCGATCTTCTTACCATAAATCTGGTA TCATATCATGAGAGAGAGAGAGAGAGATCAACCAATAAAGA ACTTTCTAGCTAATTATCTTTAACTGGTGATCGCCAAAATCATGGCT ACAGCTGCTTATACCCATGGAACAAGTCCATCAAGTGCTTTTATAT ATATGAGCAAGCAACTCTAGCTTGCAAGGATCATAAAATTA	TA	S	14,54	111	AACTGGTGATCGCCA AAATC	59,9	TTTTATGATCCTTGC AAGCTAGA	58,2	45	34,8	
74	BrPe0074	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 6503	2	3503	3520	18	9	16	AATAAAATTATGGTATCTGAAAAAATGATCAAGCTTTGTATCTTGC CAGTTTTTCTTCTCAACCATAAAAAATAAGGAGCAATCTCGAGTCCA TTCATATAAATTTCTGAAGCGCTCGATTTTCATCTCGTGAGCAGCTT ATAAACGGAATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT ATAAGATTTCCATCAGGAAATAATTATGCCATGATTTAATATTTATA CAGTAACAACACCCACTACATAGATTGCACATCTTTTCATATCCGACC CGTTATATTGCGGTGCAAAACATATAACATCAGGAT	AT	S	16,17	209	AAGGAGCAATCTCGA GTCCA	60,0	CGGGTCGGATATGA AAGATG	60,3	50	50	
75	BrPe0075	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 6622	2	5152	5163	12	6	10	ATTTGGTGATTTTCTGGTACCAATGGCACACATCATGAAAACAGGA AAAAAATCCCTTTTGGGGATAGTTTACAAGTCTGAGTGTAACTTG ACAAGTTACCTCATCTTTTCTTGACTGATAAACATTATGGAGAAGC TTCAATTAGTATATATATATACACACAGACTCAAACATACATATTAC AGAATTATGTCAGTTTGTATAGGATGGAACAAAATTGAGAAAGTCA TTCAGTATGATGATCCTACAAAGTATTGTATAGTAATACTTAGCAGT TATATCTTGATGACATTATTAAGATAGTTAA	TA	S	15,73	164	TCCCTTTGGGGATA GTTTACA	59,7	TTCCATCCTATCAA ACTGGACA	59,4	40,9	40,9	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
76	BrPe0076	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 6875	2	717	728	12	6	10	CGATCGAGTAGCTCTATGTCTTCTCCTTCGACTGTAAGAAATGGAC AGGGTAAAGGATACAAAAACGGCGCGTTTTTATGGTCTCCTTCGA GAAACCCATCGTTTTACGTTCTTCTTACGGCTCAACTCGAAGGATTC AAGCTTAATCCACACACACACAGAGCTCTGTACAGCAGATTGATAG AATCATCTGTCTTTCAGTGCAACTATTCATTCGGTAAATATAACCGT TCCTACTCTCCTGGTGGTTCCTTATTCATCAGGTTAACCGCTGTCGGA AACCTTGTGAATTGAGGTTTTATGAAAACA	CA	G	14,78	167	TCTCCTTCGAGAAAC CCATC	59,2	CCACCAGGAGAGTA GGAACG	59,7	50,0	60,0	
77	BrPe0077	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 7080	2	6105	6116	12	6	10	GAACACCCTTTCCAATGCAATTACTAGTAACTGCTTTCAGATTICA ACAGCATCAACCATAAATTTTTTTTTTGTATGTACCATTTAAAGT TGAATTTGCTTCAAACAAGGCTCAACAAGATCACACTTCTGTCAAAA GCAAAATCTGTGTGTGTGGCTCCTTTATTTTCTTGTGATTAACC ATTGAGAAGTAATATGACCAATTCACCAACCAACAATCAATAAAAA TATTATAAAAAATAGACCTGCAGCTGGAATGATTGTGTTCAACATG GAAAGAGAACTCTCTGTTCAAAACCTC	TG	S	18,45	169	TTGCTTCAAACAAGG CTCAA	59,6	ATCATTCCAGCTGC AGGTCT	59,8	40,0	50,0	
78	BrPe0078	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 7923	2	2256	2269	14	7	12	GGAAAAGATAGCTGTGCCCTACAATAGATTAGTACTAGTTAAAGAA AGTACACCAAGTCCAAAAAGCAAATATTCACCTTAGAAGTAGGGAT ACGGCAATTGATCAATTCATCAACAACATCCATTATTTGGACCA GGATGAATGACGAGAGAGAGAGATTA AAAAGCTAGATTAGTAG TTAAAGAATTCCTTTGAGAATATCGAGTTGAATCCTTGACCCTCGGT TGCTAAAATGACCCACCATTTCATGGCATTCTTCTCCTGGCAGTTAGC TCAAACCTTGATCGCCGATATCATGTGCGATAATCTC	GA	S	16,13	179	TCCATTCATATTGGAC CAGGA	60,1	GATATCGGCGATGC AAGTTT	60,1	42,9	45	
79	BrPe0079	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 8054	2	2529	2548	20	10	18	AAAAAAAAAAAAA AACTTACTATACATTTCTGGCTTTCATCTTACAA GATGTGCTTCACATATAAGAAAGCAATGATTACTTTGTAGCATTTCA TAAAGACCATTATCCTGCAACGTAAGTAAATGAAATATAATGAT CTTACTAAAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGTACTGTTTTTCAATTTGC CTTGTTTCTCTTACATTTTTTTTTAAAAA AACTGTGTGCAGTGTGATG AAGTAAACAACAATGGCAAGACCACTACACCTGTA AAAATTCAGGT TCATTGTGCTAATCTATTTTGTATTTCCAGTGTACTG	AG	S	19,28	176	CATTTCTGGCTTTCTC ATCTTACA	59,8	GAGGAAACAAGGC AAATGAAA	59,2	37,5	38,1	
80	BrPe0080	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 8293	2	6147	6164	18	9	16	AACAAAAGCAAAAAGCCAAACATTTTAAACAAAATGGAAGATGCTTT CATCTACAAAATAAATGAGATACATCTCGGCAACCTGCACTCATC AACTCACGGCATATGAGGAATGCCAAGAGAAAATGTCCACTAACATT TATGTAACCAAGTGTGTGTGTGTGTGTAACATAACAAAACAACT ATTCTCCATATATTTCAAGCTATATCACAGGCAGGAAGCATAGAGA AGTTGTCGGCTTAAACTTACAGGCTAACCAAGTCAGACAAAAGAGT AATCTGGTCACTAATACTCCCTTAAATCCTTGACTTCCAA	GT	S	17,61	163	TACATCTCGGCAACC TGTC A	60,3	TCTATGCTTCTGCC TGTGA	59,5	50	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
81	BrPe0081	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 8583	2	1484	1501	18	9	16	CCGGAGTTGGGTATTTCTTTGCAAAGAAATGCAAGCACATGGTTGTGTA ATTATACAGGAAAAAGATTGCGTGTAAATTCATTTCCGAGCAGGC CAGAAAAGTCAAAGCTCTGTGTCAGAGGGAAAAATAAGCCCTGTG AACAAAAAGTCTCTCTCTCTCTCTCTGCGCTGGTGGATGATCTA TGATGCTGCGTGGC	CT	S	16,93	181	TTGCAAAGAAATGCA AGCAC	60,0	CCACGCAGCATCAT AGATCA	60,8	40	50	
82	BrPe0082	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 0215	2	338	349	12	6	10	GCCAAAGATTAGGCTGCCCTATCCACCTGATGATTTTTTTGTCTTC CTGTGTTGAAACAGGGATCTACATGTATAGTTAATGCAGCAAGTGA AAGAGACATGGCTGATTTTCTGCTGGAATGATTAAGGCATTGTATC TTCCTTTTTGTGTGTGTGCGTGTCTGTTATTTGGTTTTTCTTAGT TAATCTGTATATGTTCTTTTTTCAAAAGCGTGTCTTATGATGCACAG GCAGAATTGAAGGGGAAGTCTTTTATGCCGTACGGCTGCAAGCTT TGTTCTGCCGAATCGGAATTATCC	TG	S	17,27	151	TGGCTGATTTTCTGC TGGA	59,4	CCCCITCAATTCTGC CTGT	60,1	45	52,6	
83	BrPe0083	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 0604	2	1497	1512	16	8	14	GTTAAGAAGGATCATATCAGATCTATCAAGGTTTTTAAACAATCAA ACATTATTCATAAAATTAATCTAAAACATGGATATATATTTGATTAAT TTACTTAAAAATATGTAATAATATAAGTTTCAAGATAAAATTTGATA AGTTTTGGAATATATATATATATATAGTATTAAGAATTCTCAACG AAATCCAGTCTACATTACATAAATCCAATATAACAATATTAATCAA ATATAAACCATATAGACTAGCGGGCTAAAACATCTTTCCGTGTCC GTGGAAAAGGAGAGATATTTAATTTTAAACACTT	AT	S	18,91	137	TTCAAGATAAATTTG ATAAGTTTTGTG	57,3	GCCCGTAGTCTAT ATGGTTT	57,4	22,2	47,6	
84	BrPe0084	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 1285	2	1936	1947	12	6	10	TGATAGAAATTGACATATGTTCAAACCCTTGATTGATCGACAATCCA ATTAGTTGTCGTCTTTTGGTGTGTTGATCCTTTGACCTTGTAGT GTCACCTCTAGTGTGTGATTTTTTGTGTTTCTCTGTATTCTCCAC TCCTCACTCTCTCTCTGATATGATTTCTCTTTTGTGTTGCGGTTGT GCTTGGCTTATATACTCTTGATGTGCTGACCAGTCGGCTGGAAACC AAAATCGATTACCATGAATTTGACCCAGCTTCTCACATTGCACGAC ATACTCGACCAATTACCTATACATC	CT	G	24,09	161	TTTCTCTGTATTCTCC ACTCCTCA	59,4	GTCGTGCAATGTGA AGAAGC	59,5	41,7	50	
85	BrPe0085	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 1434	2	266	279	14	7	12	AAGATCTTAACAGAGAAAGCACCTTTGGAGGAATTGGATTGACAT GAAGTTATTGGAGAGATAGGCACGTTCAAGATCATCGATCCCTCTC GTGAGGAAAGAGTAGAAACATTAACAGAGTTTGTAGAGGAGGGA TCCATACTGTATGGAGAGAGAGAGAAGAAGCAGACGCTATAAG GCTAAAAAGAAATAAAAGTGAACCGATGGTAATATAAAGAAGAGT GAAGGTAGACAAGAGAAGAGAGGGGTGGGGGAGAGAAAAGGTT AGAAAAGATGGGTGATATTTAAATTGAGAGAAGAGAAGCATAG	GA	S	17,54	170	AAAGCACCTTTGGA GGAAT	59,9	AGCCTTATAGCGTC TGCTTCT	57,6	45	47,6	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
86	BrPe0086	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 4018	2	2356	2375	20	10	18	TTGGATATCTACCCCATCGATCTCGGATCTATGCTTGAGGACCAAGT CAATTTCCCAAATTTCAATGGCTCCGTAACCTGAATTTTCTATGTACA AATAGGTC AATTACGTGCCAAAAATTCGTTAATTTTATTATTCATC ATTAACCTTTATATATATATATATATAAAAGATCCTATAGGTTATA TTTTACTGTGCCTGTCTCCGGGTGCTTCGTTCAACTATTATAATCCTC AAATCTTGCCTATTAACATATATACAGTACCAAGGACAATGTCATT AAACTTAATAGTTAACTAGAAATTAACGGAATTAG	TA	S	11,1	153	CAAATTTCAATGGCT CCGTAA	60,0	CGGAGACAGGCACA GTAAAA	58,9	38,1	50	
87	BrPe0087	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 4110	2	2769	2782	14	7	12	TGCATTTTGCAAATGCTTAAGTGGAAACATGCAATACATCTCTAAC CACATACTTTTGCTTGCAGGGGAAAAATGGATGCTGCGTTGAGCATG ATTGAGAAAGCTATAATTGCAAATCCCACATATGCGGAAGCTTATA ACAACTTAGGTCCTCTCTCTCCTCCTTGAACAAAAGATTACC CTCTAGTGCATCAGATTGGTTTAAATGTTAGAGATTCAAGGTCT AATGTGTTAGTTTATAGTAATTAATGATTGCTTATGATTGGGCT CACTGATATCAATGAAGCAACTATCTTTATC	TC	S	17,89	206	GCGTTGAGCATGATT GAGAA	60,0	TCAGTGAGCCCAAT CATAAGC	60,2	45	47,6	
88	BrPe0088	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 5627	2	1616	1631	16	8	14	TTGATGCAACAGGAGGCCATCGTTATTTGATGCTGATTCTTGCT TTATTTATGACTTTATTCCTTTGTTCAATATTATTTCTCTCCICA TCAGGGTTGGGCTATTTGGGTGGCAAAGAAGCAATTTTGAACATT TTAACTGCTCTCTCTCTCTCTGTAATTTGGATACTTTCAAAGTAT TAACAAGCATTCCATCTTATGCTAAGTATGTTTATGAGCTTCTTCT CAAAGATTTCTAAATTTCTCACACTCCCATTACAGCATTGACACAG ATCTTATCATGCTTTGTTTATCATTGATT	CT	S	18,91	180	GCTATTGGGTGGCAA AAGAA	60,1	CTGTGCAAATGCTG TAAATGG	59,2	45	42,9	
89	BrPe0089	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 5926	2	1482	1495	14	7	12	CACTGAATTTTCCCTTTGCAGATATGCAATCGTAATGAAGATACTG CAAGTAAGCGGGGTGCTCTTCAGCAGTTAATTGAAGCTTCTTCTGCT AACGAACACTCTGTTTGGTCCAAAGTATAGTAATTGTCTCCCTCCA TAATCTCTTCTCTCTCTCTCATGCGAATATTGCTATGGTGATACT GCAGTGAAATGTTTTTAAAGTTTTGTGATGCCTTATGCACATATT GCTACCACTATACTGCAGAGCAATGTGTTGGATTCTTTGTTATGAC TGCAGTTGATAACTTTTGTTTACCCTTGC	TC	S	17,32	150	AAGTAAGCGGGGTGC TCTTC	60,8	TTTCACTGCAGTATC ACCATAGC	59,3	55	43,5	
90	BrPe0090	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 6137	2	545	556	12	6	10	AGAGTAGTTACCACAAAACCAGTTGAATGATTGAAACATTGAAAA ATATATCAGAAAATCTGCATTCACGCTCAGCTAGTGGAGATCAAGA ACATCGCCAGTGATTTAGAGGAAAGAGGACCAATCATACTTAGGA TTCAAGTTATATAGAGAGAGAGAGTCGACACAGAGAGAAGGCTGA AGAAATCAAGTGGGTTTTACGCAAAATTTAAGCTGCTCTTTTGCAT TGGACTGGATTGGTCTTAAAGATATCTCTGTCTGCAATAGATATCGA TGAAGAGCAATTTAATGTGCGAAAAACAACTGT	AG	S	14,92	185	TGATTACAGCTCAG CTAGT	59,8	AGACCAATCCAGTC CAATGC	59,9	50	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
91	BrPe0091	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_2 7830	2	1454	1473	20	10	18	ATTAAGATCGAGTTATGATCCCTAGGGAAACACTCAAATCAAGGAG CAAAAAGTGATTGAGCATTAAATGATGGCCCTCCACATAACTTAT TTTCTTCTGGTTCGTTTAGATATACTATACTATTCCTTCTGGATATT TGTGAGTTCATATATATATATATATATATATATGGAGATTAGAAAAAGAC GAGGGAGACAAAATAATGGAAGAATTTTGGTGGTTCAGGTAATTA TGCACCAGGAGACAATTCCTTAGCTTAAACTATATAATTAATTCTG ATAGGTGTGCTAAACCATGAGCGACTTGAGAGAAAATAT	AT	S	15,91	186	ATGATGGCCCTCCA CATAA	60,2	GGAATTGTCTCTG GTGCAT	59,9	45	50	
92	BrPe0092	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_2 8274	2	2283	2296	14	7	12	CTTTGGAAATCTGTTATACCAGAAAGTGGAAACCTGATACCGAGT GGATTATAGTTTTTATTACCAGTACGTACAATAATGTAATGGAAGC GTCATTAGTGGAGTACTTTATGATTTGTATATCTATACGACCTCAAG ATCTGGAATCTATATATATATATACATTGGTCGGCAAAAAATATATC TTCCCTATAATTTCTCACTGCAACTGGTATAATTTTCAACCTTATTTA TCTCTATGCTCGTAAATTGAAAGCTGAATCGAACTGATATACTTGTA TTGAAGGAACCAGAGAATCCAGGTTTGATGGA	TA	S	16,49	219	TGGAAGCGTCATTAG TGGAG	58,9	CCTGGATTCTCTGGT TCCTTC	60,1	50	52,4	
93	BrPe0093	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_2 8317	2	249	262	14	7	12	CAGTTTCTATTTTAACTTTTCTTTTCTGIGTACTGTCTTTTGCTAGT TTAAGTGGAAATTGGAGAAGAAAGCTGCACAAGTGTTTTATTGCA TTTTGCGTTGAAGAAACGAGCAATTTGTCGAGGAGATTGAGGAGAAG CAGGAACAGGTGTGTGTGTGTCTGAAACTGAAGATGTTAAGC TCGTTTATGTTGAGCATTACTGCTGTGGCAATGTGTGGTTTTTTG ATGTATTCTCGTTGGAACATTATTATATAAAGGTTAAAGAATGGCT TCAAAATCTAGGAATAGGAGATCATGCACCGA	GT	G	17,9	163	TGGAGAAGAAAGCTG CACAA	59,7	CATTGCCAAGCAGC AGTAAA	60,0	45	45	
94	BrPe0094	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_2 9830	2	2305	2318	14	7	12	GCACCTGGAAATGCCTTTGAAGATTCAATTGAAGAAGCAACCAAG AAAAACACCGTACCTATTCCCATTACCATTTTTAATACTTTTCATT CGTGTTTTTCTTCGTGGAAGCCAAAAAGCGTGTGAGATTGTTTG TCAGTTGCTCTCTCTCTCTCTCTTATCTCCTCAGATGACTAAAAAT ATAAGTGGGCTTTTATACTAATTTGTTTTCTTTCTCTCTTTGGTGCT GCTACCTAGCTAGAGCTGCCTTCTCAAGTTTTCTAGAACCACGTCG CTTCTGCGACCTCTCTCTCTCTTTAT	CT	S	17,58	158	CCAAGAAAAACCG TCACC	60,4	GCCCACTTATATTTT AGTCATCTGAG	58,8	50	38,5	
95	BrPe0095	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_3 0748	2	630	643	14	7	12	AACTTCTCTGTAGAGAGTCAATAACATGGCACCTACAACACAGAC AAGTGTACCAAGTACTTTTCGCTCTCCGCTGTGAGATTTTATGTCAA CAGTCTCCAATCTGAAATGTGTATGAACCCACATTATAAAGAAGCTC AAATCAAACATATATATATATAATCCGGCATCTAGATAAACGCAT CCATACCCCATGGCAGTGCCATAACGAAGGTGATCAGAGGCACGA TGTTGATGAAGGCGCACGCAATGTAGCAGATGTGTATTGAATGCC AAGCAGGAAGAAGTATTGCGTTAACGATGCCCTGC	TA	S	16,01	234	TACTTTCGCTCTCCG CTGT	60,2	CTTCTCTGCTTGG CATTC	60,0	50	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
96	BrPe0096	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_3 0934	2	731	754	24	12	22	ATGGAACCTCAAGATCATGACAACATAAAGGAACAGTCAACAAAA CAAAACAAAATCCATTCATAAGCAAACAAGGTAGGTAAACCAACAA GAAGGTAAAAAGCACAAAATGGACGGGGAGGCTCCTTTTACGGTGA TTCATTTTCATGCAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGCGGTGTA CAAGAGGGGATGGAGAGGGGATCATCGGGACATTTTGGGGAATGG GAGAGCACAGGAAAGGGACGGCTCGCAATCACAACAGAGAAACAG CTTTGGATGCCAGGTCCTGATGACTTACACGCAAAACTATGGCATT ---	AG	S	14,41	182	GAGGTCCTTTTACG GTGA	59,3	AGTCATACGGACCT GGCATC	60,0	50	55	
97	BrPe0097	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_3 0981	2	377	396	20	10	18	TCATTTAATATAATATAATCGCTTATAACTATTTCTTTCCCATTTG TTAGACTGTTGCTACTAAGGAGAACACTGAATTATTAGGCTGATTG TGATTGCCGTACCTCTCCATCCTTGGCTGCTCTCACTTCCCAAGTTGC TTCTTGCATATATATATATATATATATTCATCCCGCACTTGGACTTT TTAACGTAGGCATGACAGAATTTTCGGTCAAGTGATACTAATGAT GCCTAAATATAGAATGCTCCTCGTAGATCGATTACGCAAAAGTTACA ACGGGCTCTCTGGAAAACCAAACTCAATATACAAA	AT	G	14,86	155	GCTCTCACTTCCCAA GTTGC	60,0	TTGGCTGAATCGAT CTACGA	59,4	55	45	
98	BrPe0098	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_3 1480	2	947	960	14	7	12	GAAATCGGCCTAGCTGGGGGCTTCAAAATGATGTTTTATCGTATT GAAAAGGCTTAGACAATTAATGATTTTAACTTATTGGTTGTTT GATGTGCCGCTAATCATGGACATTTTGTGTTGCCTCCACATCTCC ACGCCAACCTCTCTCTCTCTCTTTCATGGCCACAAACATTGGGC CTTTAGCTTCTTCTCTCTCACAAATTACCTACACGACAGGGAACCAA CTCTTGCAAACAAAAAATTTTGTAGTTCTGCTGACTTGCGTATTAAT TTATCTTTCTGTGTTTTTTTCGTGCAAAA	CT	G	14,97	176	GGGGCTTCAAATGA TGTTT	61,1	TAAAGGCCAATGT TTGTGG	60,7	45	45	
99	BrPe0099	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_3 3103	2	1293	1314	22	11	20	TAACCAGGAATTTCAAAATGGGCCGCCAGTTGGAGCCATGTAG TTTGTGGTTCCACTCTCATCTTGTGAAAGTAGCCCAATTACGACTA AGGTGGAAAAGCCCAATGGGCTTTTATTTCAGTACTGCATGGATT TTCTTAAATCCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTGATGATGTGATATA GGAGAGCAAGTCCAGATGACATAAATTGCTGCTCAAAAATCAAGAA TGAAAAGGAGGAGGAGGAGAAAGTAAATGCAGTCAATCAACATCAA CCCATGAAGGAAGAAGCATTACGTGATTGCAGCAACTATATT	CT	G	16,32	182	CCAGTTGGAGCCCAT GTAGT	60,0	TGTCATCTGGACTTG CTCTCC	60,4	55	52,4	
100	BrPe0100	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_3 3911	2	158	181	24	12	22	CTATGAATAGATCTGACTTTCGGGTAAGAGTAACATATCTATATGCC TTGATATAGCTTAGGTGATGAGAATCTGAAAATTTTATTGAAATAA ATTTTTTTAGATAAGTATAAATATCTCTACGTGGTTCGATCAACCA TCGAATTTAATATATATATATATATATATATTAACAAGAATTGAT GAAATTAAGAAAAATTAATACTACAAAGACGATATTTGTAAGAAAA CAGATATAGATAGGGCTGCGCATCAGTCAGAACGGTAATTTCTGA CCGATAATTTTTATTTTTTCTGATAGTTTTATTTTTTGA	AT	S	18,22	155	TTCGATCAACCATCG AATTT	058	TCGGTCAGAAAATT ACCGTTC	59,1	35	42,9	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
101	BrPe0101	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 4325	2	1225	1240	16	8	14	GACGCTTTTAAGCAGCACTCTTGAAAGTGATAATCCTATGATAATG ATTAGTACCAATCCTTATTATTAGCTTCTCTTTTGCACGAGTGGGTT TAATTTAAGTGATACTAAAAAGTGGTGATTGATCTTCCATCCTTTC CACAAACGCACACACACACACATTACAGAAATTGGTGGCATGTT TCATTGGGGTCCCTGTATAGATGAAAGGAGTCAAAGACAGGCGTG GATAAACATAACCACTCTCGATCTACCCAAAAAGAAGATCTTATT GCTTTTTTCTATAAATAATGTGAAGAACAATTG	CA	S	14,66	189	TCTTTGCACGAGTG GGTTT	60,7	TTGGGGTAGATCGA GAGTGG	60,1	45	55	
102	BrPe0102	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 5410	2	1707	1724	18	9	16	ATTAAATTAATGAGGTGGGCTGTAATAGAGATAGTGATTTTATGAT CATATAGATTAAGTAATAAATCCACTGACTACGTTTTCACATTCAA ACCGTCGTGGTTTCACGACCCATAAATAGTTATTTTAAAAATTAAT TTCTCCATCTATATATATATATATAGGTATTTACCAATGTCGGTGT CATTTAGGACATGGACGTTGTTATTTTATTACTGAGTTTACTTATT TTGGAGGTGGGGGTTAGTCAATTAGGACATCTAACATGTAGATGT GGTAATTTCTGAAATCAAAGTGAATCCTGAATAA	TA	S	17,25	168	TTCACATTCAAACCG TCGTG	60,6	CCCCAACCTCCAA AATAAG	60,5	45	50	
103	BrPe0103	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 6398	2	226	237	12	6	10	AAGGACTCATGCATGCAACACCATAACCATACTTAAACATGCATGG ATAACACTTCTTCTCATACTCCTTACAAATTTCTTTTAAACAC TTAATCAAGCTTACTAGAAAGTTGAAGGTAGTCTGAAGCTAAAGAA AAAGCTGAGTTCTCTCTCTCAATGCCTCCCTTCTCTATCTCTT TTCTCTCACTTCAAATGCAAAAATGAATTAATAAATGAAAGAAAGG CTTATAAAGGGTGGCTGATGTCTCTAGAGGTCGTGGGTGGCTGCCA GGTATCTTGTTAAGTGGCAATGAGGTGTCAAA	TC	S	40,34	201	GAAGGTTGAAGGTAG TCTGAAGC	58,6	TTGACACCTCATTG CCACTT	59,1	47,8	45	
104	BrPe0104	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 6910	2	2709	2720	12	6	10	CACCAGACTTCTCACCATCAGATGGGAGCTTCACTTTGAGGAACTT GGCAGCAAGGAAAATAGCACCTGCCCAATATGATGGGGCTTAAAT TGCAGGCAGAGCGATGTCTCAGCCTGCAAAGCCGCTTCTTGTATG TAAAGAAAAATAGAGAGAGAGAGGGGAAACCACAGAGCTGGAACCT TAAAAAGTTTGAGGAAACATAGTAAAAATGCATACCCATCATTAAC AAAATCCATGCAACTTGAGCAAGGGCATTCTGTGCAACCTAAAT TCTTTATTGCTTCGACAAGTGGCTTGTAAAGGTG	AG	G	16,69	219	GGCTTAAATTGCAGG CAGAG	60,0	AAGCCACTTGTCGA AGCAAT	59,9	50	45	
105	BrPe0105	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 7090	2	612	627	16	8	14	TTCCCATGCATTTAAACAAATCTAATCATGGCCTCGAACTGGTATCA TAGCTAGTTCTAGGGTCAACTAATTTCCACATCACAACACTCACAAG AAAAATAGTAAAGCACATTAGAATTATGCTAAAAAATGGCTCAAAGC ACTCGCAATGGTGTGTGTGTGTGTAATATGACCTCAAAGTAATCA AAATCTGACTGTCAACATAACTTACTTATCATGGTACAAAAGAAAA ATCATGAAATTCATCAAAATCAAAGTCCATACAATCTGGAAAAATAA TCGTGACAAAGTGGGAGAAATCATCAATATTAGCATA	GT	S	60,6	214	CATGGCCTCGAACTG GTATC	60,5	TCATGATTTTCTTT TGTACCATGA	59,8	55	28	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
106	BrPe0106	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 8277	2	1501	1516	16	8	14	CAAAATTTCTCTGACCATTGTCTCCTATTGTAAACAAAGATGAA CTTGATCTCCCGTTTGGCAGCTGTACTCTTCTCTGTTACCTGTATC CCTATCCATTTTCTACCAGAGATATATTTTAGGCTACTTGGGTTTCCC TCTCTGGATATATATATATATATTGCACTTAGACACTCAACTTACTT TCAAGTGAAAAGGCGTTTCGTGTGCTGTTTGTGTAGCGGTTTG TTATATTGACTTTTGTGTTGCAATTATACTCTTTCAGGAAGAGATTCT GGCCTGAGCAAAGGACTATCTAGGTATAGT	AT	S	15,87	179	CCCGTTTGCAGCTGTT ACTT	60,2	CCGTACAACAAAA CAGCAA	59,9	50	45	
107	BrPe0107	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 9890	2	860	873	14	7	12	TTCTTCTACCGTTTCCAGATCAATGATTTACCTCCTTTCAAGACT CCATATCTGCTTATGGTTCTCGCTGGGGTAAAGCCTGCTCCGGCATT AATAACAACCGAAGGATTATTACATTTCTGAATCCAAAGAGTCAG AGCAATTACATATATATATATTTCTGCTATAACACATACCTAAAA CTCATGACATCGAAAAGGACACTGTGCTTGGTGAGGAGTTTTTGAA GCTTCTGATTTTGGAGAAAATGTGTTGCCGTTTAAATAAGAGCTC CCAAAAACAAGTTCTCGCAATGACCTCTCCTGAA	AT	S	12,1	208	TATGGTTCTCGCTGG GGTAA	60,5	ACGGCAAACACATT TTCTCC	60,0	50	45	
108	BrPe0108	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 0474	2	2522	2533	12	6	10	AGTTTCTGGGTATAAGTTTAGACTGCTCAACAATGCTAAATAAGT TTATAGATCTGCAAGAATTAGGCCATTGGAACAGATGAGAAAGACT AGCAAATACAAGGTGAAAATACCGTACTGCTAGTTACCAGTGTGAC ATTCCGCTCAGGATATATATATATCCACATATTGGTGGTCTACTTTA GTGGGTGTGCTTTATAAATGTAGTTCCACTGAACAGGATGACATATC AAACCCCTCCAGAAGAAAAGCAATTTGCAATTAGCAAGTACTCAC AACCAACAAAATCTTTAAGTGAAGTTAGAAA	AT	S	17,99	190	GCAAGAATTAGGCCA TTGGA	60,0	TCTGGGAGGGGTTT GATATG	59,7	45	50	
109	BrPe0109	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 0585	2	5769	5784	16	8	14	ACAAGTTTTTCACACTGGATACACTAAGGGACAGCAAAGGTGAAGA TGCAAAAAATAAGGAAATCCACATCATACTGTCCAGAACTTGAAT ATAACAAAAACAAATGAATAAAAGTAAATGGAGATGACAAGCAT AGTTGGACCAACAGTGTGTGTGTGTGTAAGCTTCAAATGACA AAGGTAAGTACAACCTTAGTCCAATAATCAAAAAGTAAAAAATTTG AAGATGAAGCATACCATTTGATCTGAGAGAGTTGGCCTTATATAAGC ATAGTAATGACCGCCATGCACACCTCCACTGTGAACCTAAGA	GT	S	18,87	235	CAGCAAAGGTGAAGA TGCAA	60,0	AGGCCAACTCTCTC AGATCAA	59	45	47,6	
110	BrPe0110	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 1713	2	348	363	16	8	14	CTGGTACTTGATGAAGGTTGTGTGGGTGAAACTGGCTACGAATCCC AATTCATACGCTTGTGTTATTGGTCTGTCTGGGCTTTGTAGCCAGC AGGTAATTTTATTACAACATTTGGCGGATTTAATCAITACTTAATTAC TACACGTCATATATATATATATATGTTCTTATTGCTTATCAATTGT TAGATGGCATTTTGGGATGCCAAGCATCATGGAGGGATCCGTATCG ATTATGGCAAAAAGCTGGCACGGGACTGCAATGTTTCAGTATGGGTG AGATTATGATTCTATATAATTCGCCATTTATAAA	AT	S	15,46	185	CTTGCTTGGGCTTTTG TAGC	60,0	GTGCCAGCTTTTGC CATAAT	60,1	50	45	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
111	BrPe0111	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 2689	2	365	380	16	8	14	CTTAGCGGAAACCAATTTCTGGGAATTGACTATTATTACATCTCCCA TTAAGCTTTAATTTGCCAACTATTACCAGGAAATCCACAAAACCATG CCTCAAATGGTAAGTCAAATATTGCAAATATTTCTGAAAATAGAAT ATCAAGCACATATATATATATATATGTACTAATGAATCGTCAAACCTG AAGAGGCTATTGAACTATGCAAGTGAAGAAGGTGTCTCCACCTCTT CGGTCCATTAGAGTTGGGTTCACTCCAGGACCTGGGTGCGACCCCA ATCTAAAGTAAACACCATCTCCAACGCTTCAAA	AT	S	14,33	190	GGAATCCACAAAAC CATGC	60,2	TCCTGGAGTGAACC CAACTC	60,1	45	55	
112	BrPe0112	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 3125	2	2697	2712	22	11	20	GGTTTGATCGATCTATATGCTCAAGGAATCAACAGATTTTACAGATT ATAATAAGATTTATAAGCTCCACAAATCCAACCATGATGTCCTTT AAAAAGATGAGGAAAAAGAGAGAGTAAAAGTGTGAGTGGCACAGAT TATATATATTCATATATATATATATATCCGTCACGATATCGGTGAGA TTAATCTTACGATCGGTTGGGATAGTCAACCCCTTAAAATATATAT ATATATATATATATCAGCCAGTCGATTACAAGTTGGAAGGAATTT TAATCAACTTTTTTCTTATTTTCACTGCCTAAAG	AT	S	17,42	100	AATCTTACGATCGGT TGGGATA	59,7	GTTGATTAATAATTC CCTTCCAA	57,2	40,9	31,8	
113	BrPe0113	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 3818	2	7866	7883	18	9	16	AGCCATACACAGTCTTTTCAGCCTGCCATGCAATTTAAAAA ACAAGTTGGACCAAAATCAGTAGCAAAAATGGGGATTCTGAGTTT CGATGTTTGATTGAAAGATAGCCTCTGGAACTTGTTAATGGTTCAA ATTAATTTCTGATATATATATATATATATGCCAGTTGTGTACAAGT GTTAACATTAGGATACCCCTCAATGACATTAATATACTGGTTGTAG ATGGTTATGCATGCTTTTCGTAACCTTACAGTGCAAAGTGTTCCTGG ACTTCTGCTGTGAAACTATTAGTTGCAGTGCAAAGAG	AT	S	16,33	183	GCAAAAATGGGGATT CTGAG	59,5	CGAAAGCATGCATA ACCATC	59,1	45	45	
114	BrPe0114	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 4175	2	334	345	12	6	10	GGCACGGTGGCCGGTGGTGGAGAGATGCTCAAATGCTCCATGACAT TGAAAGGCTGAGCTGCTTCTCCCATTTTGTAGAGTGGTCCAAGTCC TCCTGTATGGTATCTGGTGGCAACTCTGATGTAGAAGTGAATTCAT GGCCGGGTTTTATATATATATAGCCGTGCTAATTTCTTTATTAATTA CTATTCTACCATACAAGTAGTAAAATGCGAATGAATCTTCTATAGAA AGAAAAATATATATAAAAAATTTAGACAACAATGTCATTTTCTAATC AGACTCTTTATTTTACCAAAAAATTTTC	TA	S	12,7	165	AGCTGCTTCTCCCAT TTGA	60,0	CATTGCAATTTTACT ACTTGTATGG	59,1	45	36	
115	BrPe0115	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 4276	2	4863	4878	16	8	14	ATAAAAAATAAAAAACAATCAATAGGTGTATGAAATTTCAATATG CTCACTTTTTTAAATGAAACATGGGTTATTTTATAAAAATAAAGCA AATTTATCCACTCATTAAAGCGATTGACCGGAAGCACATAGAAAGAC AAAAGCATATGTATATATATATATAATTTTGATAAAGTTTGTAGTA ATTATATATCGACATTGTGATAAATGTATAATTTGTTGGAATGATGG GAATTCAGATTAGACTAAGGTCCAATTTGGTTTTAGAGAG	TA	G	16,85	157	TGACCGGAAGCACAT AGAAA	59,3	TCTCTAAAACAAA TTGGACCTT	58,3	45	34,8	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
116	BrPe0116	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 4519	2	2456	2467	12	6	10	AAGAAAGAAAGAGTCCACACATGACGTGGATAATGTTATATATGTA ATAGCGCATGGGATTCATAATGGATATACATGCAAAATCAAGAGATC ATATAAGCTCAATGGAATGCTCGGTACACATTTCCAAAGAATAAGC AATAAATATATGGAGAGAGAGACCCCTAGTGCCACAACCTGGAATG TGGCAGAATAAAAGAAACATCTTACCATGTGTTTTAATTTCTGATAG TAAATTGGACCCATAAAAATATACGCCTGCAGTGGACAACCTGTTA TACCTGGACAAACATAAGAGATAGTAAGGTGATAG	GA	S	18,46	171	TCAATGGAATGCTCG GTACA	60,1	GTTGTCCACTGCAG GCGTAT	61,1	45	55	
117	BrPe0117	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 5267	2	3113	3124	12	6	10	GGTGGAGAAGAACTTGAATCATCCAACCTGTAGAAATCCACTC TTTTGCAGCTGACTGCAATACAGATGACCTTCTCTGTGTTCTGATAA AGGTGCGCGTTTAAAGACTCATTCTGCCAGGTTTTATGATATATGCAC TCCTGGTTGCATATATATATTTATATCCATTAGGATATATTTTGAT ATCAGTTTTAGAAATATCCCGTCTCATAATTGATTTTAAACTCCATGC AGAACATATCTCCTGCACATATGCCTGATATTGTGATATACATAGAT GCTATATCTGTTGTTTTGAGGAAGCTTC	AT	G	17,33	170	GGTGC GCGTTTAAAGA CTCAT	60,3	TCAGGCATATGTGC AGGAGA	60,4	50	50	
118	BrPe0118	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 7034	2	3748	3759	12	6	10	ACATGTTATTCATATATGTCACACTAATCTATGGATTTTCCTTACGTT GATGTTTCCAGTGATTGTTATATGACTTTCACCATGCTGAGCAA GCAGTTGACAGAGATTGATGTTGCTATTATCTTGACTGTTCTACAAT GTAAGTGTACACACACACGCACTACTATCCATAAGGTGGCAA GGATTGCTTTTTACTTTTTGAATATATTTATAATATAGCCGTCAT TAGATGACATCAATGACCATTCTCCATCTCATTCTACAGAAAATATG ATATTGGGATGCTGGACCAATTTATGT	AC	S	17,03	218	GCTGAGCAAGCAGTT GACAG	59,9	TGGTCCCAGACATC CCAATA	61,1	55	50	
119	BrPe0119	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 7902	2	3111	3122	12	6	10	CTACAAAACCTGGTGTCACCAGGCTAGCCCCATGTGAAAAGAAAG CTACACCTGCACTGCCACTTTTTGCCACAAGCATTTGTTACAAGATC ATGTGAATCATAATCTACCAATCCGATACATGTCTCTCCCTTCTTT TTGCGATTCAATATATATATATGTGTCTTTGTCAGGTTGGAAAACCGA AGCACCGACGAATTTTAGCAGTGTCAACAAAAAGTACCAAGAGCA AGGGGTCAGACTTCCACGCAATTACTGACAACAGCGTATATATGA ACTGCACCATGCTGTATAGATTCTGTGCAGGA	AT	S	14,99	241	GCTAGCCCCATGTGA AAGAA	60,2	TGTCAGTAATTGGC GTGGAA	60,1	50	45	
120	BrPe0120	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 8684	2	379	390	12	6	10	CAATGGCATGTGTGGACAAGGCATTGGTTGTCGACGTCCAAGACT TGCAATGCATACCATTGCATACTCTATTCTATGACATGGCACTACACA CGAGTCAACCGATTCCAACCATGGACTCTATATTGTTGATGCTTCGT GATTGTATATTGTGTGTGTGGTGAATATGAGAATACTAGTACAGG CCCAGATGAGTGTGACGACGTACGTGTGAAAATATGAGAAAATATC AGGATGGGTCGAGGTGA	TG	S	98,66	170	TGACATGGCACTACA CACGA	59,7	TCGGACCATCCTG ATATTT	59,2	50	45	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
121	BrPe0121	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 1052	2	165	192	28	14	26	GCAGAAGCTGAATATCAGACCAACCAACAACCAAGCAGCAGTAC AAGTAATGAGAGAGAGAAGACAGAAAAGCCATGGATTGGAAGAA GCCAAGACACCTGTACTTATGAGGTTATGAGACAGACAAAAGTCACA GGTGGCCGTTTCATGATATATATATATATATATATATATATATATATTTTCC ATACAACCTGAAAATTTATTACTATTTTAAATTAATCCATCTCTT TTTAATATAATAAAAAGAAGCCTTTGATATTTTGGTACCTGAAATTT ATATTAATAAAAAGAGGGGAATAATAAAAAGCGGGTATTGATCATT	AT	S	28,68	207	ACAGAAAAGCCCATG GATTG	59,9	GGTACCAAAAATAT CAAAGGCTTC	59,3	45	37,5	
122	BrPe0122	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 2441	2	392	405	14	7	12	AACCGGGATGATTTTCAAAAACACTTCAGATGTTTCACCAATTCG CCTTTCAAAACAAAAGGGTCGTATCCTAAGAAACACTATTCCTTAC AATTTGTGAATAAAAATTTGCTGGCTTGCTGGACATGCCTTGGCT TAAACTCTCTCTCTCTCTCTGTCGGCCATATAGGTTTTGTCCCT TGTGAGCTGCAGAGGGAGGTCGCAATCTTGATGTTCTCTCCCTCT CTGCTTTTGTAGTGGATTGGCTGTTCCGATAAACTCTGTCTTGAGCCT ACCACATTAATGCTACTGACCCATAAATTC	CT	G	17,05	235	GTTTCACCAATTCGC CTTTC	59,6	TTTATCGGAACAGC CAATCC	59,9	45	45	
123	BrPe0123	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 3461	2	2500	2511	12	6	10	GTGATTCGGTACTTGGTCAGGAGTATAAGTCGTGGATATATTTTTC TTCTGACACTTCACAGATACAGTTGTATAGTCCAGAAATTCATTAC GCAAAATGGCTGGATTGTATTGTGCTTGCAATTCCTTAAAATGTT TTGCTTATGATATATATATATTTTTCGAATTTGCTAATCCCTTTCCTATT CTCTCTAGGAACATGAGAGCTCCTCTGATGAATTTTGAATCTTTC TGATACTTGGGAATTCGAAGAAAATGAGATAATGAATGCGCAGGAT AAACCTAAGGTCAATACGGGCAAAAATGCA	AT	S	17,7	180	TTGGCTGGATTGTATT GTGC	59,5	CCTGCGCATTTCATT ATCTCA	59,8	45	45	
124	BrPe0124	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 3714	2	2725	2742	18	9	16	AATAATCAATTACTATAAAAGTTGGAAAAAAGTATAGATTCAGAG ATCGAATAATAAATGAAGCAAAAAGAATGAGATGAGTTGTTGGTGG TTAGATCAAGGAAAAGGAAATGGAGATCAGCTACGAAGGAGACCTC GAATCTGAGAGATAGAGAGAGAGAGAGAGACGCGTTGGAAGTG ATGCCAAGATCCGATTTGAATAATTTGGTCAGGTTTTGTTTTGGG GGGGAAGGCAAGAATGTTACGGATACCGTTTCGATATACAATATAT TGTGCATGTATTATATGGTCAACTGTT	AG	S	18,61	152	TGGAGATCAGCTACG AAGGAG	59,6	TCGAACGGTATCCG TAACATT	59,4	52,4	42,9	
125	BrPe0125	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 3838	2	520	531	12	6	10	TGAGAAGTTTAGACGAGTACTGACAGAACAACCAAGCTGCATTGAA AAACATGCAAAACATTTGGCGTAAGTATGCTATGGAGCTAGGAACT TGTTTAGAATCCATCGAAGGCCTGCTCTACGAGGCGTTGTTTCCAAG TTCTACCAAGGTATATATATAACATAGTTCCCTAGAACTGAGC TTGAATTCACAGGTAGTACTGACAAGTAAAACAGCAATTCAGGTT ATGCTCCTCTTACTTTCTGTTTACTGTTGCTACTTGTGTTTCGTAA GATCCAACAAAAGGTTATCAATGGTTTTGCA	TA	S	16,9	192	GCAAACCATTTGGCG TAAGT	60,0	AAAGAGGAGCATAC CTGCAA	57,6	45	45	

G: genoma funcional
 S: genoma estrutural
 P: polimórfico
 M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
126	BrPe0126	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 4356	2	995	1006	12	6	10	CGTGGGTCCATTAGCACGTCAGGATTAGATCTGTATTGGATTCTTC CTTTTCCGCTCGCACCAAAATGGCGGCTTGTTAAATTACTTATATTTT ATAAAGGTTTTGACTTCTTTCCACAAAATCAAGATTGATTAGATGG TATGTGAAATATATATATATTATTGTTTTGAATCATTAAATAAACTA TTATTAATAATGGAATTATATCTACATGAATTATATGACAGAAGAAG TTCATACAATGAGTTAATTAATAATTTATTGAAATTAATCAAAGAC ATGTTCCAAAATCAATAAAATTAATG	AT	S	17,62	235	AAATGGCGGCTTGTT AATT	58,6	TGAATTTTGGAAAC ATGTCCTTG	59	34	30,4	
127	BrPe0127	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 4506	2	619	636	18	9	16	TCTGTCTCCTATCACGGTGTGATGCATATACTAATGTGCCCTC TATCGGGCTCCGTTCTGTATAATCTATGTACGTCATATGTCGTTATA ATGGTGCAATTGAGAAATCTTTTCAAACCTAGCTTCAAATCAGATC CTTGTACCTCTCTCTCTCTCTCTACCATTTTCTTATATACAACT GAACCTGTGGATTTTACATGAAATAATTAGATAGCCTTATCTGTTGT TTACCTGAAGGCTAAAACATGAAGCAGTAACAATAATTGTTGCAAA TTTTTGCTGAAGCAGTAACATTAATGCAGTATTC	CT	S	15,01	244	CGGGCTCCGTTTCTGT ATAA	60,1	TCAGCAAAAATTTG CAACAA	58	50	30	
128	BrPe0128	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 4674	2	466	479	14	7	12	GCAAGGAATCAAGAATCTGAACAAATGAAAATCTTTGACGATCA ATACCTTATAACATGACACACCAATACCACGCTAAGAAAAACCAAT CATCTGGAACACGAGGAATGCGCACCATTTGGTCAGAAGCTAACCC AACATTTTCTTTGAGAGAGAGAGAAAAGAAGCTTCTTTGGGGCTA CCACCAAACTAACTTCTCTTTTCAATGTGGTTACTTTGCTTCTTTGT CTTTGGGTTGTTCACTATAATTTTCTGCAGGTCTACACCAACTTTTCTG ACTATATTGCTACTGCCACTTGACATGGTCCAAG	GA	G	16,47	162	CACACCAATACCACG CTAAGAA	60,1	GCAAAGTAACCACA TTGAAAAGA	58,4	45,5	34,8	
129	BrPe0129	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 7617	2	977	988	12	6	10	ATATTCTCTTCCCAAATACTAAAGATGGATCGCCCTCAGTGCATA AAATGGAAATAGTCCGACCTCCTAAGCGATAGTTTGGATCCCCTATT CTGTTCTCGAAACAGGTTTTAGGGGATCTACAGACACGAGAATTGG AATTTGGTAGCTCTCTCTCTATGTATTCCATCCAACAAGAAGGG AAACCAATATCACAGCATGGCCAGCCTTCGAGTTCAACAAGGTTC CTACAGGCATCTGAAGCAATTTCTTGAGCGAATATCTGATTCAGGA GAAGCAAGTAGCCTTGGTCTTGCAACAGCGTG	CT	G	13,05	174	CTAAAGATGGATCGC CCTCA	60,2	TTGGTTCCCTTCTT GTTGG	59,9	50	45	
130	BrPe0130	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 9911	2	232	245	14	7	12	AGGAACACATACATGCATAGCATGCATGAAACAACCTACCTTTCC TCTTCTCTTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCAGCCAACCCAAG CCTCACAAGAAATCAGCTGCTCACACCCACAAGACTCTCCCTTCTC TCCTTCTACTCTCTCTCTCTTCTTACTTCACAATTGCACAAAT GAAAGCAAAAAGGTAAGGAGAGTGGGTTTTGATCTGAAAAAGGCA TGGCTAGCTGGCATCAGGTGCTAGGGAAAAATGTCCAGGTGCACAAG AAAATTGCAAACTTTAGGTAGTTGAAAAATATG	CT	G	140,27	172	CTTCTCTCAGCCAAC CCAAG	60,0	CAGTAGCCATGCC TTTTTC	60,0	55	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
131	BrPe0131	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 0595	2	3270	3281	12	6	10	TACTACATTAGTTGGTAAAAGACAAGAGTACAACGTTTGTGGAAG CGTCTCTATAGTTTGTTCAGGAGTTATCCATCTTCGCATTGAAGAA GAAAACAAAGATAATTAGCGATGATTAGGATATGCTAACACTGATA TTTTCTTAAAATATATATATATTATCAAGAAAATTAAGGGTTTCA CAAGAAATGAAAAATCATCATTAACCCTTTTTGGAAAAGTATAACCATT ACGATCCGCAAGCAAATAAAGAGGAAAGTGGAAACCAATAATAAT AATATTTTCATTTTATTTTGTATTAATTTTT	AT	S	16,71	155	CAAAGATAATTAGCG ATGATTAGGA	58,1	TTTATTTGCTTGCGG ATCGT	60,6	32	40	
132	BrPe0132	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 2779	2	1521	1534	14	7	12	ATGATCCCTGACACATTGACGAATTTAACCTTTCCAGCTTCATCCA AGCTTCTCAAACCAATCCAGTCATCAATGTAGAGCTCAGTCTGTAAT GAATACAGCATATGCGTTACTTGATACAATCAAATGGAAGATGGAC TTCAACCATCATATATATATATATGCACACTTGCAAGACTGCAGACG CATGAACTAGAACAAATATATCACCTCTTGAACAGGCAAAAATGCGAA CAAATGAGCCGCTGGGTAGTAACCAAACCATGAGGTTTCCTTTGGT ATCAAAAACCTTATCATGCTCAAACCTGATAACCAT	AT	S	16,05	209	CCAGCTTCATCCAAG CTCT	59,6	GGCTCATTTGTTGCG ATTTT	60,1	50	40	
133	BrPe0133	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 2965	2	2646	2661	16	8	14	ACCAATCATTATCCCCATAACATGGAATACTGCATTATGCCACTGA TGAGTACATTTCTTGGACCTGCAGTAGAAATGAGAACAGGTGATGG GAATCTGCAGGTGCTGCAATCTTCATATCCCCTTGTTAAATCTAC AAATCTTTACATATATATATATATATTTGCAGACGAACCCGTTAGAC TGAAGCGTAACAGCATATATCAATGATAGCTTTCTAGCTTATTTAGA TGCCTTATGTCCTTCTTCTGGTCAAAAATTTCCAGAGACTAAAAAT TCAATCCATTCAATTAACCTATTAGGCTCCTAATG	AT	S	18,08	181	AACAGGTGATGGGAA TCTGC	59,9	TTTTGACCAGAAGA AGGGACA	59,7	50	42,9	
134	BrPe0134	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 3110	2	3428	3443	16	8	14	GCAAGAATACTCCGAAATCAGTCATTACAGATTGAAAGAAATATA GCAAAAAATTAGTCTATTCTACCCATGGATTAGCCATGCCAAAGC ACCACAATACTTATAAACACTCGGGATTAGACGAAAGGGTTAGGAC TTGGATATAGACATATATATATATATATATATATAACAAGTTCTGTA TCCTGGTCAAAAATAGCTAAACCATAGACACCGACATAGACAGAAAC CAGTAGAGATTTTACTACTATAGCATCAACAAGAGTTTAAATTCAGG ATTTGGGCTGCTTATGGAGCTTTTAAAGATATGCAGGC	AT	S	18,6	216	CATGCCAAAGCACCA CAATA	60,5	TCCATAAGCAGCCC AAAATC	60,0	45	45	
135	BrPe0135	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 4475	2	704	715	12	6	10	TTGATCGAAGAAACGATAAGTTTTGCGCTTGTGGCCACTCTCC CTTCTTTGGTCTTTTATGGTACTTGTACACGTTCTCGAACTTCTCTT GCACTTCTTGGCGCTTCGATTATAGCCAAGTTCTTTAGCTTCTGCT CATCAGTATATATATAACATCAGTTACAACCTCGAGTAACTACGCT TTCTTTATCTTAATTTCCCTTCTAACAGGTTACTTCACGAGAGAGA AAACAAAACATTTGAAGGCATTGGCACATAAAAATAAAAATAAAAA AGCAGATAAGTTAACAGGCAAAGGCAA	TA	G	13,98	210	AGTTTGGCGTCTTGT TTGC	60,3	GAAGTAACCTGTTA GGAAGGAAA	59,1	45	41,7	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
136	BrPe0136	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_6 5330	2	3980	3991	12	6	10	GTTTCCCCAAAACTCTATTTACTATATTTACACTCTTTAACAAAT GGGTGGATCTTCCCAGTTGAATTTGGATTTTATTGGATTGTGTCCAA TAACTTAATCAAATGGAAACAAAGAGCAAAGCATGGAGAGCTCATT TCCCCATCTTCTCTCTCTCCAAATGGTTGTCGGTAGCCCTCCATG TGTAGCCTTTTTTCCCCTTCTGCAAGTTGAGGGTTATATTATAATC CCAAATCCAGGTAAAATGTTCTTTAAGTATGAATCTGATCTTACA AAGTTGTTGGATTTTGGATTATATCT	TC	S	17,37	195	GTTTCCCCAAAAAC CTCTA	058	GCTACACATGGAGG GGCTAC	59,6	45	60	
137	BrPe0137	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_6 7544	2	1424	1443	20	10	18	GACCCACTGGTTCAGTGTCAATGAAACAAAGGTGTGGAAAGTC AGTCATTATTTTGGTCATATACATAAAAAATAATCCAATTTGACAA AAGAAGAGATTGTTTGGATATCCCAGCATTGCATACCTTTGCTTTTA CATGAGCAATAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGGGGAGGTAACATATC AGTGTGCAAGTCTAGTTGATGCTGAATTGTGTCAAATGCCAGCAAC GGTAAGAAATTAGGATAAGTAAATCAAGGAGGAAGCAAAAAAAGT GACCTGAGCAGCTTCTTTGTTTGATAACTAATCAACATCTA	AG	S	18,24	219	TCAATGAAACAAAGG TGTGGA	059	TCTTACCGTTGCTGG CATT	60,6	38,1	45	
138	BrPe0138	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_6 8408	2	471	482	12	6	10	CTCGATCTTTAAGACAAAACATATGAGATCACTGTGTTTCAATGG AGTGGAAATTTCTTGACAAGACATTTTGGAGGAAGCTCCAAGGAAG AGATGATCATGACCCAGATACCATTGTGATAGCTCAACTGCCACGTT CAGGTAGCACTATATATATAATAACAATAAGACATCCAATGGA TGAAGAATTATGATAATGAAGAATAAAGATGTCACCTGCCCTGAA ATGAGAGACAAATACTCAAGGGAAAAACCAACTAAGTAAATATTA TAGATTTAAAGAACGAATTATCATATAGTTTAGT	TA	S	17,74	161	GGAGGAAGCTCCAAG GAAGA	60,8	CATTTAGGGGACA GTGACA	59,5	55	50	
139	BrPe0139	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_6 8563	2	900	917	18	9	16	ACTACAAGAAAGTGAGGGTGGTGCACCTTTGTTGGACAAATCCAAA ATCACCTTCAGGGAAGATCATGCGCAGGTTATTTAAAGAAAAGATG GTCGAGAAGATGAGAACCAAAATGATTAAGACTGTCCAATTCACAGC CTCAAGTCTCTCATATATATATATATATATGTAAAAGATGCATTCAT CTTCAATCATTAAGGTGGCAACAATAACACGCACAGCCTGAGA AACCACCAAGTACGTAATCCAAGATACTGTACAAGTACAACAAC AGTCGCCATCCACAGTTCACGAGTGAATAATAAAAAACAA	AT	S	15,68	242	AGATCATGCGCAGGG TTATT	59,6	CACTCGTGAAGTGT GGATGG	60,2	45	55	
140	BrPe0140	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_6 9143	2	1300	1313	14	7	12	CATGTGGCTTCTGTGCTGAATCTTGTGTCATTTGCAATTAATGTGGA ATCACATCCCGCAGCTGCTAATCAAAGAGTGGACCTCTGTGTCTTCA CCTGGGTAATAAATACTTGGTTAAGGATTACCACAGTATTCTCTTA AAGTTGTTTATATATATATAGACCGTCTCTCTTTTAAATATTATA AGAAAGATTTGGTCAAAGTTGCTTGAAAATTAATAGGTCTTCCAAC TTAATCTTCATCTGATGTTAATTATTCGTCGGTGGTGTCTATACATC TATGCTTAGTTTCTATATAAAAGGACATA	TA	S	17,65	200	GGACCTCTGTGCTTC ACCT	59,3	AGAACCACCCGAC GAATAA	58,1	55	45	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
141	BrPe0141	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 9605	2	805	824	20	10	18	AAGTGCATTACAGCACCATGGGAAGACAAAGAAGAGAAGCTACTT GGGTTGTGCTTAAAAAGCCTCGTGTTCCTACCAGCATGGTGTTCCTG AGATAAGAAGAAGAAGAAGAGTAGATTGTGTATAAAATCTCTTGGAT AACACCGAGGAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGATGCAGGAAGGGAA AATGTTGGAAGGTAAAGCTCTGTTAGAAGACACCGACATGCCATTG AAGATGCAGATCCAAGCCATGGCTTCTGCTTCTCAGGCCTTGGATCT CTATGATGACTTACTGACTGCAATCTATAGCTGCGCATATCAAAA	AG	G	16,41	109	TCCTTGGATAACAC CGAGGA	59,7	CTGCATCTCAATG GCATGT	59,7	47,6	45,5	
142	BrPe0142	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_7 0250	2	3178	3197	20	10	18	CAGTGCATCGCACCTTACTTCTCGACCTTGTACTTCTATTGCGGGCA ATGTGATAGTGATGCCTTAAACCAAAGACAGAAAGTACCACAAAT CTACTTTTGTCTTTTCTTTTCTTCTCTTCTCCTCCTTGAATAGATCCC TATTGAACTATATATATATATATATATACATATCAGTGGTTTCTTCT TTGGATTTCAGAGTCTCACCTCTAGCATAGCCTAGACCTCTCATGAA ATCCATTGATTTCGATTGCATGCATGTTACTCCCTTCTGTGCAGCCG AATTGACAGAGACATGGGTGGAAGAACAGTCATG	TA	S	16,64	190	TTCTCCTTGAATA GATCCCTA	58,4	CCTTCCACCCATGTC TCTGT	60,0	37,5	55	
143	BrPe0143	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_7 1490	2	5014	5037	24	12	22	TTTTTAATATAAGATCCTAAAATCATATCTTTTCGGCGAAGATATAT ATCTAAAATCAATTCTCTGTTCATCGATGTTTTTATTATAAGATCA TTAGGATTTGATCGAACTTTGGCGAAGATATTTATTATTTGAATAA GTAATGTATATATATATATATATATATATACTTAAAACACAATGA TCATGATTGTTCAAGACTGGATAGGTAAGTGTATCTCTGTGTCGTCG CCTTGGAAATATTGTCTTAATCAAGGAAATAAAAAACCATAGTAG AGAAACTCGTGGAAAGACTAAAATAAATAAGATAAAACA	TA	S	15,38	152	TTAGGATTTGATCGA ACTTTGG	58,2	ATATTCCAAGGGCG ACGAC	59,9	36,4	52,6	
144	BrPe0144	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_7 1785	2	2349	2366	18	9	16	TATTGCACCCTCTAAATGAAATGAATAGACATCCATCTCTATAAAG AAGATTTGGGTAGTACATGCTGGATCGTTTTTTTCTTTTCGCTCTAA CCAAAACCCACCTGCATCATGGCTGTGGGTACAGCAGTCGATCGGC AACTATATTATATATATATATATATACACGGTCACTAATTAAGACC CACAAGCAGCATAACATATATTTATCAACCCCTATCCCTGATCAG AATCTCAGACTAGAAGATATGACATCGATCAGATGGCATTCCAACA AGAAAATCGATCTAGATATATTATATAAACTATTAATA	TA	S	15,2	157	AGCAGTCGATCGGCA ACTAT	59,9	TCTTGTGGAATGCC ATCTG	59,6	50	45	
145	BrPe0145	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_7 2514	2	241	252	12	6	10	ACAAAAATAACAATAATATATAAATGGAAGGTAATCAGGACCA CTCTTGATTTGAAGCTTCTGGAACAGGGCTTAGTTTTAATTATTAACA CTTACTAAGTGCATAGTTTGGAGAAAAGCCAGAGAAACTGGCAG CTGACGATGCCATATATATATTGTGCCAATATTATCTTTTGTGG GCAATGCATGTTTCTAGCTATGTAAGAAGAGTACAGACCTAAAAA AGTAAACTAAAAATGTACAGATGGAGGAAAGGTGAGGGTTCATGTAT AGATCTGGGCAAATGATAGGGATTGCTCAACTG	AT	G	14,69	213	AGCTTCTGGAACAGG GCTTA	59,1	ACCCTCACCTTTCCT CCATC	60,3	50	55	

G: genoma funcional

S: genoma estrutural

P: polimórfico

M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
146	BrPe0146	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_7 3344	2	694	717	24	12	22	TGCGGAAAAAAGGAGAAAAATCTTCAGAGACCATAAAATAGCAAAA CAGAACAAAAATCCAACAGAAAAAGTCAGGAAAAATAAGCCCGTTT CTACAGTAGCCCCCTATTCCAACGTTGAGTCTGTTGTTTCTTTGG ACTCTTGAGATGGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAATCAGATAG ACATCACAAGGATTGCTAACACCAGGCATCAGTAACCCACACAGC TAACCACAACAATAGCAACAAGAAGAAAGTCAAGTTTGGCGTGTGC TTGTGTTCACTTTACGGTACATTTGTTAACTTTGGACCAACAAGT	GA	S	14,52	151	CAGGAAAATAAGCCC GTTTC	58,7	GGGTTACTGATGCC TGGTGT	59,9	45	55	
147	BrPe0147	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_7 3624	2	412	429	18	9	16	GAAAATTATAAAAAAGACCAATAATGCTTTTAAAATTTGGAGACT TTTGGGTGCTTGGTAGGTGGGGACGCGTGAAGTACGTGGGAAC TACCGCATCCACTCATATACGTGGCACTCATATACCTGCCATTTGG CACGTAACCCTTCTCTCTCTCTCTCAAGTAGTCAATTTTCTCA TCCCAAGCACATGCAAGCCTCAATGTCATTCCCATTATCAAATCCAC AATTCAATGTTCAAATTTACAATTGCGTTAATTCAACAAGTCTTTTT GTCAAATACTTAATTTATTTTAAACAAGTCAATATT	TC	G	14,76	164	TTGGAGACTTTTGG GTGCT	59,7	CATGTGCTTGGGAT GAGAAA	59,6	45	45	
148	BrPe0148	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_7 3686	2	1477	1490	14	7	12	TGGATGTGTCACAGTCATTGGCATTGGCTCACGCCACATATCTGAG GGGAAGGTGGTGTGTTGCCATGGGTGGAACTGATTTGAGAACTG GAGATGCTCCATGGTGGGCTTAAGCCTGCTCTCTATGTGATGATCTT CGACCTCCTATATATATATATACTGCATTCATGTTCAAGATTGCA GGAAGCAGCTTGCTCTGCACAGATGCTTCAAGCAAGTTCATTATTT TGTGAATTTATCTTTTTTTTCTTTTTGGTACCTTGTTATTACATC ATCATCATGAACATATGTTCTGTGCAAGAAT	TA	S	16,45	177	TATCTGAGGGGAAGG TGGTG	59,9	GAAGCATCTGTGCA GAGCAA	60,3	55	50	
149	BrPe0149	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_7 8274	2	2378	2389	12	6	10	GCTGGTAAAGCACTTGCTTGCCTCATCGAGATACCATGGTAAATGG TAATGTTTCGAGTAACATATACTAGCTACTCATATATACCATGAACA ATCCTCTCGAAGAGGCCCAAACCTAGCTAGAAGTATATAGTTACTA GCACTCTCTCTCTCTCTCGAAGAGAAGAAAGAACTAAAAGTGAT CAGTTTCTGACATCATGGTACAGTCAAAGAAGTTCAGAGGTGTCAG GCAACGCCACTGGGGCTCTGGGTCTCCGAGATTGTCACCCCTTGC TGACTCTCAACAACCTAACCAAGTCTTTAC	TC	G	14,03	184	TCGAAGAGGCCCAA CCTA	60,7	TACAGCAAGGGGTG ACGAAT	60,5	52,6	50	
150	BrPe3001	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 02	3	3926	3943	18	6	15	TAACAGACTAAGATTTTCCAAATGAAGTGAATATGGGATTCCTTGC ATATATACTGTGTGAAATACAAAGTATTATTATAACCAATTATCAT ATGACCATATGAAAAATGAAGATTGAAGGATCCATGACCAGTGTCT ACAGACATTCCTGCTGCTGCTGCTGCTGTTGGGAAAGATTCAAAGTT AAATGGTTCAAAAAACCCACCTTTTTCTTCTGTTCAATATTACACTT GTTATTGGGAGTTGGGATCCAAGAATTCCTTACTTTTCATGCAGAA ATCCTCCACTAGAAAGAGCAGCTATAAATATACC	CTG	G	18,03	178	TGAAGGATCCATGAC CAGTG	59,5	AGTGTGAGGATTT CTGCAT	57,2	50	45	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
151	BrPe3002	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 215	3	807	818	12	4	9	TCACTTTCCTGAAAAATCAATGCAGGACTCTGATATAACTGCTTTT GTGCTTAGTAATTCATCCTGAAAAACCCATCAACAAGGTTTTGATGA TTCTTACCTTTCCCTTTCTTTCTTGCTCCATAATGTACACAGCACC AAGCCTAAGATGATGATGATTCCTGACATGGTTGGAACATGATTGT CTCTAGCCTTTTCTTCTGTTTGAATGGAGTGGTTCTAAAAAAGAG AGATAGTTAATGATTCTGCTCTGGATCCAATGGAAGAGAACAGAG GGAAGAACCATCATAAATCTGAAGAAATGC	GAT	G	15,58	205	TCCTGAAAAACCCAT CAACA	58,9	TTGGATCCAGGAGC AGAATC	60,2	40	50	
152	BrPe3003	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 042	3	490	501	12	4	9	TTCTCTAATCTGAGGCAGTCTTTGGGCCCTGGAGTTGATGGCTGGGC TATCTCCCTCAAAGGAATGATGAGCATTGTGGTCTGATGGGATTTG CGATCTGTTTCTTACTGGTGGTGAATGCTTTTGTCTCTTCCAA CCCGTAGCAAGAAGAAGAAGTAAGCTTCTACAAGAATGGTATTTT CTCTTTGTCATGATTTTACCAGAAATGATTGATTTTGGAGAATGAGTC AACTTGATTACCTTGATTATGGTCAACATGGCTCCCAAGATGAT TTTATAGATCATAAATCTAGCTAGATATC	AAG	G	17,3	190	GATGGGATTGCGAT CTGTT	59,9	GGGAGCCATGTTGA CCATAA	60,7	45	50	
153	BrPe3004	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 254	3	690	701	12	4	9	GGTGGACCTAGGATAGGGATGATACCTACTTGAGCAGATGTTTCC GTGACTGATGTCATACCCAGAGACGTATCTTGATGGATCATGGTTGC GATGTATTTTATAGGGCAGTTGCCATTGCTGATTTTGAGACTATCT CAATAGCCTAATGATGATGATGCAAGAGTTCCATTTGCATGATTGGT GACGTGATTGGTACTAGATGATGGGCGACCGTTTGACATGAGAGTT GATGGAGATACGATGACATGATCATGGTAGGTGATTGCCAGCAGG GAGATGTAGTGAGGTATACGGGATTGGTATGCA	ATG	G	19,4	245	TGAGCAGATGTTTCC GTGAC	59,8	GCTGGCAAATCACC TACCAT	60,0	50	50	
154	BrPe3005	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 822	3	4146	4157	12	4	9	ATTATCTTCTCATAATCCTTGATTAAAAAACCCAAATACCTACCTC ACCTGGCCAAACTGATGTGAAATTAATTAGCACACCAAGAACTCC AAAAAAGGGAATAAAAAAGAAACAAAAAGCAACCCAGAATTGTCAG GCCATTGGAAGAAGCAGCAGCAGCTTTATCTGTAATCTGATGAAAT TTCTTCTTCCAATATACCTAACCCCTCCCTCACAATCTTTTCATGG TAATGATTTCTTAGCTCCTCCACCCATCCTTCTCTCTCTCTCTCT CTGTCTTTTCTCCAACCTTTTCTCAATGA	AGC	G	16,81	173	CTGGCCAAACTGATG TGAAA	59,7	ATTGTGAGGGAGGG GGTTAG	60,2	45	55	
155	BrPe3006	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_7 006	3	865	876	12	4	9	TTTGGACCAAATCTCTTCATCAACGCCCTCGTTTCTGCAATTTAT ATTGCTCATGTGCGCTGATCCGGTCCCTCAAATCTCAGGAAGCAAC CGGTGGGACATCCACTGCTCTGCATCTCTCTTTAACTCTCATTTCC TCCAATCTAGTAGTAGATTGCAAAATATGCTGCTCAGAAAAAC AACTCGAAGTTTCAATCAATGCAGAACAATATGAGCTCAAAAAGTAC AAAAATTTTCATCCAAATTTTAAACCAAGAAGCAACTAGGCTCTGACG ATATACCGAAAAAGCAAAGCAGTAAAAAGT	TAG	G	18,91	219	ATCCGGTCCCTCAA TTCTC	60,3	TCGTCAGAGCCTAG TTGCTTC	59,8	50	52	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
156	BrPe3007	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_8 481	3	5431	5442	12	4	9	CTTCAGCTGGAAGGCACCTGATGGCCGTTTTGGCAAACACTGCCC GGAGACTGATCTGGAGGATTTGGCAGCTGATTCGATCATCTTTGTGT TTGTGGCCTCAAGGCTCTGTAAGGGAAGTGGATGAAGCACGGCGGGT GTGCGTGTATGGTGGTGGAGTCATGGTCACTATGAGTCTGT GATTGCTGGTGTGGCAGCTGGTTGGCATACTTTGAAAACGGATTT GCATGAGCATCGAAGGGCTCAATCACTGCCTTCTCCATCCTGTTGTG CATCCAGCTACTGTGTTGTTGAGCTTCTATA	TGG	G	19,52	170	AAGGGAAGTGGATGA AGCAC	59,1	TGCACAACAGGATG GAGAAG	59,8	50	50	M
157	BrPe3008	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_8 671	3	473	484	12	4	9	CATTATGTCCAGTAATCAAATACTATTTAAAGAAAACCTAGAAAA GAGGTCCCACCTTAGAGTTGGTTCATCCACTTCCATGTAGTTAGCAA GCTTCCCAAGGGATATGGTTGAATAAACTTTCAGGAAGGCACGGAC ACTGGCTAACAGCTGCTGCTGCTTAACCTCATATAGAAAAGAGCTTTA ACTGCAGCTGTAAAGCATCCTGTAAAAGACAACAGAACAAAAATCA AGGAAATGTCAGCACAAAAAAAACAAGAGGCTAGGATGCATAGGG AAAACCAACCATATTAATGGCCATGCTAAATGGAA	GCT	G	16,36	190	TTCCCAAGGGATATG GTTGA	60,1	TTGGTTTCCCTATG CATCC	59,8	45	45	
158	BrPe3009	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_9 349	3	1858	1869	12	4	9	TAACATGTTTAGTTCACGACACAGACAAGGCTCTGAGCTACTTTCTT CAGTCCCATAAACCACCTTCTTCATCAAGGGAGTAGAGTATATTTAAG AGTTCATCTTTATCCTCTTCTAATTTTAGGCTTTTAGCTTTTGCACT AAAGGGTGTCTTCTTCTTCAGAGGGATACATTAAGTTCAATAGTTC AGCTTTTCTTCTCTCTATGTTCAACATTTTAATTTTCTTGATTAG GGGGCAATCCCTTTATAGTGTCTTCTTTTCTGCACTTATAGCATAT TAGCTTAGTTCCTTCTTTTCAACCT	TTC	G	27,95	228	CGACACAGACAAGGT CCTGA	59,9	TTGCCCCCTAATCA AGAAAA	59,5	55	40	M
159	BrPe3010	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 1840	3	4066	4080	15	5	12	AGATGGCCTAAAAGATCCCTAGTTAAACTTGGATCGGGAACAATC TCAATTTCAAACATAACCATTTCAAACCTTGACAGAAAAAGAAATTAC AAATTAATTACAGCAGCTACCATTTCCGGTACCAATTCGCGAGCACT TTCAGAAAGAACATCATCATCATATTGGCATTATCCATTTTCATCAT CTACAAAAAAGAAAAACATACTAAAAAGAGGTCCAGAAAAAAC CAACCAGAGGGTATTTGTGAGGGAGAAGACTAATACTCCTCAACTG TTCTTACAAATATATACCAATTCGTCTGCAACTGCAC	CAT	G	17,86	194	ACCAATTCTGCGAGC ACTTT	59,9	GTGCAGTTGCAGAC GAATTG	60,5	45	50	
160	BrPe3011	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 4729	3	506	517	12	4	9	ATTTGTCGTTGCTGTCATAATCTTACAACTTATGCAGTAATGAGT TGAAACGTCAAATAAAGTGTACCGGCTTCTGATTGACTCTTTCCA CTCATTGACTATGTTGGCATCTCCAGAAAAGTTCCGTTCTGTGAAGAC ATAGACAATTCCTTCTTCCCTCAACAGAGAGGTAAAGATTAAGA TTTAGGCTTCACATGCAGATAGGTTGCAGTTCCAGGTGAGAGAGGT GTCTTGCAGCATACTCTCTGTGATCTTGATATCAGATTGCTCTATC ACAGGGTACGTACCCACCAGTCTATTTAT	TTC	G	15,26	165	CCGGTCTTCTGATTG ACTC	59,7	CCTCTCTCACCTGG AACTGC	60,0	55	60,0	P

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
161	BrPe3012	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 6160	3	177	188	12	4	9	ACATTAGCACTTCGCGCTTCTGAAGATAATCCTTTTCTTCTTATCT CTGGGTTTCTTGGCACTTGAATCGCTCGGATGGATAGATTGCATT ACACTCACTCTTCTTCTCTGAATGTTGAAATCTTGGCCTTGCTCA GACTCCCTCTTCTTCTCTAGATGTTGAAATCTTGGCCTTCTAGC ATTGCCTATAATGAGAAGAAAGTTAAAAAGTTCTGGCCACCAGAA GATATAGAGTCACAGTAGATTTCTATCCACCAGATTTTTGAGATT CTGTATAATAAATGAGATTTGACTCTT	TCT	G	24,96	184	CGCCTTCTGAAGA TAATCC	60,0	GCAATGCTAAGAAG GCCAAG	60,0	48	50	P
162	BrPe3013	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 9157	3	1534	1548	15	5	12	TTGTGTGCTGTTATTCCTCATTGAATCTTATGTTTTATTAAGGTTTT ATGGAATAGTATTTGTGTTTACTTGATGTAGAGAATCCAGTATGCA AAAAACAAAATCAGATTGCCTTGTAGAGGCAGAAGGAATCTATGATC CTAATGCAAAGAAGAAGAAGAAGCAAGAAGAGAAAGGTGAGTACT CAAATATATCATGTCTAACAGTAGATTGCATGCTGTGATAGGGGA ACCACATAGTAGAGTGAGTAGTACTAAGGTCTTTGTCTGGTAGTTCT ATGTTCTGATCTTGACATGTTTTAGTGAGTAATCC	AAG	S	17,16	237	TTGTGTGCTGTTATTC CTCATTC	60,0	TGGTCCCCTATCAC AGCAT	60,3	39	50	
163	BrPe3014	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 1891	3	1171	1185	15	5	12	CCACGCCGTGACCGAGACGGAAGCGTGCTCATAAAGTCCATGCAC TTGCAAAAATTTGGATATGTAGAAGTCCGAAGAAGCGAAACGGGT GGAGTTGCGTTCGGGGTGAGGTAGCTACAACCCAGGGGAACGACGA TAACCGCCCTCTAGAAGAAGAAGAAGACGACCCCTTAAGCTCTTT CGACCAACAATAGCTGGGAACAGTACTGCAGATATTATACGAATCA ACCTCACAGGCTTAGGTAGCAAACCTCACTGTAAGAGACGACTAAG CGCTCCCTTGATCACAGGAGCAATTTCTGGTCGGCGA	AGA	G	19,94	225	CGGAAGCGTGCTCAT AAAGT	60,4	AAGCCTGTGAGGTT GATTTCG	60,3	50	50	P
164	BrPe3015	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 2335	3	2937	2948	12	4	9	AGAAAAGAGAAAACATAATATGCTCCACAATAATCACACGTGCG CTCTGAGAAAAGAAAAAAGAAAAATACCTGCTTGATTCCGG AGGAGCAGGAACCTCAGGAGCCAAATCTTCCCGTTCCTCAGGATCA TTCCCAACAGCTTCATCATCATCAGTGAAAATTTGTTTCATGCTCCCA ATCATCACCTACAACAAGCATATGTATTTATGACGAAGTACTCAA ATAAAAAATGAAGATTCTGGATAAGGTTTAAGAAAAGTCGTTATGCA ACATTCTAGGGATGAAAAATGATGCAAGTGTTTT	TCA	G	16,71	192	AGGAACCTCAGGAGC CAAAT	60,1	TCCCTAGAATGTTG CATAACGA	59,6	50	41	M
165	BrPe3016	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 4907	3	2101	2112	12	4	9	TGCTAATGAGATGGCAAAATTTCTGTTTCATTGGATCGATACAA TACAAACAAGCTTCTCACGACAAGACTGACAAACACCATTTCTCATT CATATGAGTCTTGCTACTTTCCACTGCCGCTACCAACCATCCTT GCCCCATGCCATCTCTCTCCCTTCAACTGCTTCCATCTTGT TCACTTCCATTTCTCTTCCAATACTGGCAGCGACCTCAGACTTG AACCAATCTTCAATAATCCC	TCC	G	18,18	158	CGACAAGACTGACAA ACACCA	59,8	CGCTGCCAGTATTG GAGAAG	60,9	48	55	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
166	BrPe3017	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 8853	3	210	221	12	4	9	TATTAATTTTACAGGAATTTTGACGCATGGTTGATACGTGATAAAG TCACTCATACATCAGACCTGAAAGGGTGCGTGATCAATACATGGGC ACGTCGATCTGCAAAACAAGTGAAGTAAAGCATGGGCACAGAA GCGAGACATTCAAACAACAACAACCTGTGGATCTTCTATGGATTCC AGTGGATATTTCCGGAACCAACTTTGACCTATGATCTTTCAATTTTA AACATCGACTTATGTATCTTGGATGTTTCTATTTAAAGTCCTCAATAT TTTGAGAAGCGCAAATATTATTAGCTTAGAT	AAC	S	32,43	190	GAATTTTGACGCATG GTTGA	59,5	TGGTTCCGAAATA TCCACTG	59,8	48	43	
167	BrPe3018	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 4233	3	8781	879	15	5	12	CTGATACGGCAAATGATGTTTGATTAATTACAACAGGAGCATCATC GATCGCGACAGACATCAGAAATGGGACTCTTTTATTCAGTTAAGTAC ATAGAAATCAAGGGGAAAAAAGCATTCCAAGACTAAAAATGTAGA GCTCTAAGATTGAAGAAGAAGAAGAAAAACAAAATCAAAGTGTT TGTTTCGTTGTTTATATGTGGAGAGTGCATCAATCAAACGCAC ACCTTCGAATTTTATAATCCCTCGGTGATGACTTGTGACAGATCT GCACCTGGTCCACACGGCCCCGGTGGTG	GAA	S	16,72	185	GATCGCGACAGACAT CAGAA	069	GTGCGTTTGATTGAT GCACT	59,7	50	45	
168	BrPe3019	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 7596	3	6465	6479	15	5	12	ATCTTTTCCAACAAAACCTCTGAGTAGAGCTGAGTTTGTAGTTAGAAG CTCCTCCAACCTCGTATACTGAGTATCATTAAGCTGGGCTGCATCCT TTGTCAATTTCTCAAGCTCGGCTTCTTCTCTTTCACCCGAGCTTCTA TGAGCTTTCTCTCTCTCTCCATTGTTTTTGAGATAAGTGCAGAAG CCCCCTTTTTCACATCTAGTATAGCATCATCTTCCACTTTTACCTCTG TTTTATCCCACTTGTGTCTTCACACCACAGTTACAGGGAATAAAA AAGATAAACTCAGGAATAGACAGAGTATAA	TCC	G	20,69	184	GGCTGCATCCTTTGTC ATTT	60,1	TGGTGTGAAGACAA CAAGTGG	59,6	45	48	
169	BrPe3020	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 8802	3	887	901	15	5	12	AGGTATAATTGATTCTTGTCTGGCTTCTGGGTTTTAGTTGAATCTT TTTGTGTGTCAGTGACCTGTGTGGAATCTGGGGATAAAGCTTTGGA GTACCTGGGCTGCTTGATAACATAGAAAATGCTTCTCCACCTTCTT CACCTTCGCTCTTCTTCTTCTACGTTTTCTTACATTCCAGAAAG AGGTGAGGTTATTTCTGCACTGTACATGTGGTGTCTTCTTCAATCAAT CCTTGAAGCTATATTCTAICTTTGATGCTTGGATAATGAAGAGATT TGCTTACTCAACAAAATGTGAGATTCA	TCT	G	19,3	181	TGTTCTGGCTTCTGGG TTTT	59,7	CCTCACCTTCTGCG TGAATG	59,7	45	52	M
170	BrPe3021	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 6530	3	1134	1145	12	4	9	ACTGAAATGAAAATTTTTCTCTGGAAAGATCTTACCACAAAACCTTT AATGTGACTAAACAGATGGAGTACTGCTTGACCAGGTCAATGTGAA TTCTTCTGCTGATGGACCAAGTACCTCCTCAGCACCAGATAATGACA ACAATGCTCTTGATGATGATGACGATCTGGACATGGATGAGTTAAA TGAGCTCGAAGCAAGCTTAGCAAAAACATCAATCCGAATTCAAGTAG CCTGGAAGGTACTGATTAATTTTGGAGGGCGGTGATGTGTTTTTAT GCCTTCCACTATCCTGCTGCAAATGCATAATC	TGA	G	15,16	207	TTCTTCTGCTGATGGA CCAA	59,4	GCAGCAGGATAGTG GAAAGG	59,8	45	55	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
171	BrPe3022	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 7174	3	597	611	15	5	12	AGGCATACATATCTTACATAATCAACAACACATAAGAAAAGGG TCCACATGACAAAATCACATTCACATACATGATGCATCATATACAA AAGGCAAAGATGGCACATACGGATCAAATCACTTCCCACAACAGAA GTAAAAAGAATGATAATAATAATAATAGCACGTAGGACGATGGCCA ATGTTGGGCAAACTACACTAAATTTTACAAACAGGACCGCATACAA AATGCACAAATTGATGCAAGGATTAGGAAATTGACAGGACAAAATC ATTAACACCTCATACACAAAATAATTTCCAGATACAGAG	ATA	S	15,28	160	GGCACATACGGATCA AATCA	59,4	CAATTCCTAATCCT TGCATCA	59,1	45	36	
172	BrPe3023	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 8019	3	338	349	12	4	9	TGTTGCCTGTGCTATTTTGTATCAAAAATAAAAAAGAATACATTCAAT TTCCCTCCCTCTGGCCATTTCTTCTAAAAACAGCATGTCTCCGCTAG TTTGATAGAACTCTGGCTTCGATCAAGCTCTCGTTACATTAATTCTTC ATATATACTCTCTCCCTCGTCAATCTTCCATAAAATCTCATTCTTA CGCTGCAACTCTTTGGCAACACGTTGGAAGAAGTGTGGATTGTTGC ACCATCAGCAGTCGCCGCTGCCTTAATTGTATTACATTTCATGCCTAA TTCATTGATGTTGCCAGGGCTCCTGAC	CTC	G	29,96	192	CTTCCCTCTGGCCATT TCTT	60,6	TGGTGCAACAATCC AACAGT	60,0	50	45	
173	BrPe3024	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 5896	3	2081	2095	15	5	12	GAACATTGGAACAGTAAAAAGAAACGCTGCAATACATAAAGTGA CTTCCACACATCAACCTACAGATTTAGTGGGAAAGAAATAGAAA ATGAGAACTATCACTATGTCCGTGATAACTACATGAGAAAGTAT CCTTCAAAGGAAACATCATCATCATGCTAATGAGATGGCTTTTG GCAGATAAAATTTAATGACACTAGTGAATTAATGGGCTCGAAGT AATCAACCCACAACAAGTGCTTTTCTATCAGTGCATTCCCAAGAG CACCAGAGAAAACACCACCATTTACCTCTCAAGGT	CAT	S	19,28	215	CAGTAAAAAGAAACG CTGCAA	58,3	TCGAGGCCCATTTA ATTCAC	59,9	38	45	
174	BrPe3025	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 8409	3	251	262	12	4	9	TATGCTGTATATAAGTGAATAACTGATTGAGAGTGCCATCTGACA ATTCACTACCCACACAAGGCATGTGTACATAGTAGTCCCCAGGATCT CAAAGCCAACAACCTTCTCCGCCTTTTCGAAAGCTTGATACTCCATT GCGCGGATGCAGAAGAAGAAGTCAACGTAGCACTCACTACGCCAT TAAATGCCCATCCGAAGATTCTGTAACCAGCTAAACAGGAGTTCTG AACACCTTCTGGTATAGTAGTGGGAAGTGAAGTACAGAGAAACAT GTTCAGGAATATGAAAATTCTAATCTGATGTAA	AGA	G	16,49	163	TGCCATCTGACAATT CACTACC	60,0	ATGGGCATTTAATG GCGTAG	59,8	45	45	
175	BrPe3026	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_7 2670	3	1024	1035	12	4	9	TTATCATAGGAACAGCACCTCCAAAAGCAAATTCACCAAAAATT CAAACCAAGCAAATATTAACCTGCTTTTCCATGCCGTTTACAGACC GCGAAATTTTCAACCTTCGGCGAAGGCATAACACAGTCATCAAATA CAATCATACAATATTATTATTATCCATATCCATCGAAGAGATAACA TCTCACTTAATTTCCAATCCACATCTTCACTATCCAACACAAATTA ACAGCTCAAACATCTAACCAAACTTACTTTCTCAAATGGAATTTCC TCCTCTTCTCCTCGGGCTATTCCCTTCTGAA	TAT	S	19,47	190	GCGAAGGCATAACAC AGTCA	59,9	AATAGCCCCGAGGA GAAGAG	59,8	50	55	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
176	BrPe3027	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_7 3273	3	184	195	12	4	9	ACTAGCTGAACCTGGCATAGGTGGTACCTCAACTCTCACATTTGGGCAT CGCTGGCTCAATTCTCGGCTTAGGGGTTACTGGTGTCTGTGTGGTTC CCGCTACACCATGCATTGCAGTCCAAAATGCCAAAATGTCTGATA AACTCTTGGAGGTGGTGGTACATTTGGTGGGATAGCGGTAGCC CTTCCCACTAGTTCATGGCTCTACTCATGCCTGACTCTACGGTTGG CTCAAGTTGAGCCTGAGGCTCACCTCTATCTTGGCCCTCATCGCCCT GATGCTAGCCATCGACATCTCTCACGGACA	GGT	G	32,05	195	CCAAAATGCCAAAA TGTCCT	59,8	GTCCGTGAGGAGAT GTCCGAT	60,1	40	55	P
177	BrPe3028	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 71544	3	468	479	12	4	9	CAGACTGAGCCTGCTGAATCACATCAAGACCCTTGAGAATGGAAC AAATTCCTCTTTGGATTGCAGAAGGCTTCTCAAAACCTTGGAAG AAATTTAAGAAAACATAGGCAACATTAACAAGAAATTAAGCATA CAGTAAGGGGAAGTAGTAGTTCACATAAAAATGGTATAGCAAG GAAATAACAAAAACAAAACCTTGAATAATCCACAAGTTGGATGACA GTCAGTTTTTACAACAAGAAAATTGATATTTAAGAATCGTGAAC ATTCAAGAACAAGAACAATAATGCAATAAAA	AGT	G	21,52	230	TGAGCCTGCTGAATC ACATC	60,0	TGACTGTATCCAA CTTGTGG	59,6	50	48	
178	BrPe3029	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_8 63	3	3450	3461	12	4	9	AATGAGTAAGCCAAGTTCATCGCTCTACTATAGTTGGCAAA TTCAAAACCAACAGAGTCTTTGGTGCATCTGGTCTCTGTCACCTC TCAGTATCAGCAGAATAAGAAATGAAACAGTGGCTGGAGAGGC ACTGTAAGTGGTGTGCTGCTGCAACCTGCAGGCTGAGCTCCTTTTC AGGCACTATTGCTTCATCTTTTCAAACTTGGAGGCAATAATGATG TCTATGTGAATGGAACCTTCTCAAAGAGAAAGTATCACCTTTTGGTT TTTTCTCTTCTGGTCTATGATACAATATGC	TGC	G	16,87	152	TGGCAAATTCAAAAC CAACA	59,9	GTGCTGAAAAGGA GCTCAG	60,1	35	55	M
179	BrPe3030	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 000	3	282	293	12	4	9	TCAGGACAGGAGATACAATCTGGAATGTCAGGACAGAACCTGTTGG GAGAAGATTTGCAGATGAGCTGTTCCTTTGAAGGTCTCTTATTG CCTCTGTGCAGGTTCTTGGGTGGCTTTTGTGCTGCTGGTGCATTT CCAGCAGGGGCTGCTGCTCTCTCTTGAATTTCTCCCCTGGTTCCT CTTGTTCACCTTAATATCCATAACTTCAATATCTCCGGTCTTTCAGG ATTAATCTTTCTCGAACTTCTGATTGGATAGATTCTTTAGTCTTC GATGAAAGCTCTGGAAGGATTGCTTGG	GCT	G	15,69	161	GGACAGAACCTGTTG GGAGA	60,1	AGAAGGAACCAGG GGAGAAA	60,0	55	50	
180	BrPe3031	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 024	3	3744	3755	12	4	9	TTAGCACTCTGAACCTCTGCAAAGGAACGGTGATCCCTCTTAGC CTCCAAAATCCCCTGCTATGCTCTTGTGGAGTAGTGTACT CGGGACTGACCACTCTATACCTATCAATTATGATACGATGTTGAAAC AACCTACCCTCTCTCTCATCCATCTCTCCACATTTGTTTACA CCATACTTTGCTTCGTTAAATCTAAGACGTTGAGATCCGATCGAAAT GGAGTTCAATCTTTCGATCTAGCTTCTCTCTCTCCGCTTCTCAG AAAACGCACAAACGCAAAATTTGCAACC	CTC	G	29,56	209	AAAGGAACGGTGATC CCTCT	59,9	CGATCGATCTCAA CGTCTT	60,2	50	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
181	BrPe3032	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 291	3	318	329	12	4	9	GGCTGGTAATGCAGGCACTGACGATGCACATGGTGGAGCTATGAAGG AAGAGCTAACATGCAAAATCCAGGTGGCCAAAGACCTTATTCTGTAT CCAGAGTTTCTTGCCAAGTGCCTTTGAAGACGCCTTGCTTGAAATGAA GGAAGCAGCTACTGCTGCTGTGTAATGCCTCTCAGATCAAATT TTCTGCGTTTGTGATGTAATTTGTTAGCTCATAGATTCAGTTGAGTA GAGAACGAAGAATGACTATAGCTCATAGATTTTCATTGGAGAATAAA GACTCCTCATACATGAATGTTGTACAATTAGTA	CTG	G	16,53	180	ACGATGCACATGGTG AGCTA	60,3	TCACAAACGCAGAA AATTTGA	59,3	50	33	
182	BrPe3033	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 782	3	3765	3776	12	4	9	TTCAAGATCAAATAACTCCAACAGCTTGAGGATGAAGGATTGATCA ATAAACTTTTAGCTAAATTTGCAATCTGCTCAGGTGATGCCACAAA CCTTAAGAAAAGTTCGTAGACAATTTGCAAGTGAGGCCAAGCAGCA TCCATCAAAGGCTCCTCCTCTAATTCAACGCCATCTACAACCTTT GTTCTCGCGTGGTTGCGGAGTGCAGTCTAAACAAAATTTGTGGACA CCATTTTACAACCTTTCATAGCAGATTCTGTGAATTTCCCACTCA CAGAAGTTACATATCTACAAGCTCTAGCAA	CTC	G	17,42	184	TCCAACAGCTTGAGG ATGAA	59,4	AACCACGCGAGAAC AAAGTT	59,8	45	45	
183	BrPe3034	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 145	3	3804	3815	12	4	9	GAACAGCCTGATTTAATCTGGCAATGCAGGAAAATCGGCTTCTTCA AACATCATGCACCTCCGAATGATTGTGTTTCAGGAGTCACTCTGAGG TCTCGATTTCCCTGTCTGCACGTAATAATGATCTCGATCTTCTGCAAT ATTTCCAGAATAATAATAATCTAAGAGAGGATTTCAGGGTGAAGG CAATGTTTTCCAGTGTTCCTTGTCTTCGTTGAACGAGGAGACAGAG ATCTATCACGTGGGTGACTTGCGCAAAATGGTAGAAGGATGAGTTTG CCTTTGATGACCTTTTGTGTCGATCATTGATG	AAT	G	17,1	169	CAGGAAAATCGGCTT CTTCA	60,3	AAACATTGCCTTCA CCCTTG	60,0	45	45	
184	BrPe3035	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 802	3	552	566	15	5	12	AAAGATCACATGGCTAATGAATCCTTTATTGCAAAAGATTTTCATGC TGTCAGTTTGTATGTGGCCTTTCTTTATGTAGATAGATTCCGTGGAAG GGCCAATGCCACAGACAAAATTTGTTTTGAAAAGGCTCTGGAGTT TGCCATGCTGTGTTGTTGTTGTCATAAAGATTGATAGACCTTCTG CTCGTCCAGACTATGTCGTCAATCCACTTTTGAATTATTTATCGAAC TGAATGCGACAGATGAACAGGTAAATTAAGTATAGCTAACTCTCTG AGTTGGGGTTTTAGAGTTGTTCTTAATTGCTAG	TGT	G	19,65	150	TCAGTTTGTATGTGGC CTTTTC	60,1	GTCTGGACGAGCAG AAGGTC	60,0	43	60,0	
185	BrPe3036	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 150	3	1227	1247	21	7	18	CTGTCCCGAACAGGGGAGGTATTATGCGCTCTTTATTATTTTGAAA TTGCCAGTGACAAGTGAATGTTGTCATTCTTCTAGTTGTGATT GAGGAGATAGTGGATGAAGACAAACCAAAATGGAGATGGGCAG CCGAAACGACCGAAGAAGAAGAAGAAGAAGAAATCTAGTGACAAT GGTGATGAAATCAAATAACTCTGAACGCCAAATGTTGTCAAGA GAGACAGTGGTGCAGATTGTGCAAAAGTGAAGATGAAGATGGCTT TCCTATTTCTCTGCCATAAAAAGCGAGGAAATGGTGCAGGAGCT	GAA	G	15,48	243	GGGGAGGTATTATGC GCTCT	60,4	TGCAACAAATCTGC ACCACT	60,3	55	45	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
186	BrPe3037	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_3 598	3	1813	1824	12	4	9	CCCTGATCCATCAGAGTCGTACATTGTTCTCTTATGGGAAGACC CACCATGACCATCGTGGTCATTGTCTGAGATTCAATTCTCGAGAGC TTAACAGCCGCTCTGGCAGCGACTGCAGCATAAGCTGCTGATTCAA AGGCCTCTTGAGCAGCAGCAGCTACATCTCTGTACTTCTCCTTGCT CTTACGGATTACAGACAGTTCTCAAGGTAGATCTCCTCGTCGACAAC CTTAGTTTCTCCTCGAGGATCAACATTATCCACCTCGTCAGCTGGTTT ATTAGATTCTCCTGTTGCTCCAGGCTGAC	AGC	G	15,13	191	AGAGCTTAACAGCCG CTCTG	59,9	ACCAGCTGACGAGG TGGATA	60,7	55	55	
187	BrPe3038	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_3 917	3	1135	1146	12	4	9	CACCGTGTGTGCAGATACGGGAATGCCACTGTGGCAGAGAATACGG AGAGAGGGTGGCGGGATCTTATATTAACAAGATACGTGCTGATT TGGTTTTGGCATCTAACCTGTTTATATCGTTTTTCTGCAATTGTGA AATTTTATCCATCATCATATTTGCGTCGTTGCATGCTGGTGACT GTTTCCAGAACCTTTGTGCTATCTGTTAGAAGACCAATTCATGTGGTC GTAATCTCTTTTCGTGGATTAATGGGTTACTTTTGGGTTCAAGC AAGTGTCTTCTGAAGTAAAGACTTCGACA	CAT	S	17,57	212	GGTGGCGGGATCTT ATATT	60,0	CCCATTTAATCCGA CGAAAA	59,8	50	40	M
188	BrPe3039	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 228	3	224	235	12	4	9	ATCACAGATGCCGCTGGAGATATTTCACTTCTGGCACTCATATT ACTGCATCCAATAATTTGCTTGATTACTGCAATATATACGTTACAG GCAAAAGCTTCCGTCACACGATTGATGATGACGATTGATGATG ATGACCTAAGTATGATGATGAGTTGCAATCACCCATCGATGAGGT GGATCCATTTATTTACTTTGTGGACACTGTGAAAGGTGAAGGAGGCC TCTTACCTTAGTGTGATAATAATGTGCAACTAAGTATTGGACACC GTTAACTGTTTTGTCTTCCAAATGAAGT	TGA	G	17,23	230	CACAGATGCCGCTG GAGAT	61,3	GCCTCCTTACCTTT CACAG	59,8	55	55	
189	BrPe3040	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 495	3	7388	7399	12	4	9	AGGCATTTCCGACTCCATATTCTGATCACAACCTTGGCTTGTGCATGC ATCAGGGAAGTGCATAAAAAGAACGAATCAAGAGCAGCTGACAA AGCAGCAGTTAATGGGGTTGATCTATGATAAAGATATCGAATATTA CTACGATGAAGGTGATGATGATGAAAAGGAGAAGGGTATGAAGA GGAATATAGTATGAAGACGACATATCTACCTTGATTTAAGTGGGA ATTCTATGGTTTGTGATGATTGATAAATGTAGATAAATATTATTGTTT CCATATAGGATATTCTGTGTTCTTGACCTAAAAG	TGA	G	15,99	160	CACAACCTTGGCTTGT GCAT	59,8	CCTCTTCATCACCT TCTCCT	59,7	45	52	
190	BrPe3041	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 880	3	4737	4748	12	4	9	ATGAGCTGTCTCCAGGAAACATCAGGTGATTTCTGTGCACATCCTTT AAAAGCAACATCTTCTCAAAATGCTTAGGAGACGTGCTGGTTCCAA TGTAGGGTCTTCTCTGAAAGAGCGGCTAAAGAGAAAGCTCAAG CTGAACGTGCAGCTGCTGCTAGTTTTAAGTCTATGCTTCAGGAA AAAGGACATATAACCTCAACTCCATTTGGTCCAGGGTATGGTGTTC AAATGTTAAATTAGATTTTGGAGTAATGTATAGAGGAATCGTAA GTAGTGGCATTGACAATGCTGTTATGCGTT	GCT	G	17,38	162	GCTTAGGAGACGTGC TGGTT	60,1	ACACCATACCCTGG ACCAAA	59,5	55	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
191	BrPe3042	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 890	3	438	449	12	4	9	CTTTAATAGCTGATGAAAGTCAACAGCTCTTGGCGATTTATGACT AACCTGAATCCAGAAAGGACAAAGTTAGAACAAAGCAAACCATAA GTTATAACAAAGCAACACCAGACATTATCCATAACAGAACTAGATA ATTACCTGTTTTTCTTCTTCTTCCAAAGTAACACAGAGCAACAGCT AACTGTTGGCATTGAGAGATGGACACAATGAACTTCTGTGAAA AGCCAAATGACCTATGCACTCTTCTCTTTTTTTTCTTGCACCT CTTGCTGTTCTGGTTCTAATCAATCTATGCC	TTC	G	18,68	222	GTCAACAGCTCTTGG CGATT	60,4	TCATTGGGCTTTTC ACAGA	59,2	50	40	
192	BrPe3043	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_6 230	3	686	697	12	4	9	GGATCTTGATATGATCCCTTCGTAACCCGAACAGAAAGTCTTCCT TGATTGAATCGGTGAAGAGATTGTTGTCTAAGCGGCTAGGAGAAT TCTGTGAGATGTGAGGTGCAAAATGAGAAGCCTTTGACGAGGAACG ACCATATCCAAGATGATGATCATAGATTGGATTGCTCTTCACCT CTACATTGAAAATGATTGAATCGCCCATTTTGTCTGGACATAACC ACAAGCTATCAATATAGTAAGAGATATTCAAATGGATACCCCTT GCAATTTCAACTCACAAAACATAAGGAATCAC	GAT	G	20,15	202	GCGGCTAGGAGAATT CTGTG	60,0	GCAAGGGTATCCA TTTGAA	59,8	55	45	
193	BrPe3044	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_6 399	3	5935	5946	12	4	9	TCCTTGCCGTGGGAATTTTTGGTACCCCAACAGAACCTGTTATGGC GCTCTCCTGCTGGTTTTTCATTTTTGATTTCGCCCTCGCAAGTCCTC TTTCATGCTTCTCTGTGGTCTGCTTCAGCCTCCTCGACTGAGTTAAC TGCAAATGCAGCAGCAGCAACAGCAGCTGCAAACCTGCTTTCTTGG ACATCATAATCCTGATTACCTGCCAATAGAACTGACCAGTAGCCCT GCGGGTAAATGGTCCATACAGTTAGTTACAGAGAAAATCAGTGTTT TTCCAATTTCTTATACATGCTTCTGCTAA	GCA	G	16,16	205	GAACCTGTTATGGCG CTCTC	59,9	GCAGGGCTACTGGT CAGTTC	59,8	55	60	
194	BrPe3045	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_6 761	3	6660	6671	12	4	9	CTCTTATAACTATGCACCTGACTGAGAATAGTATGAAACCTGTAGA AACGTTCAAGATTAAGGTTGCCACCCCTACAATCCCGATGGAGAT TCGAGCTGAGAAGGCACTTGAGGCAATTCATGTGTGCTGTTTTGGGA AGGATCCCATAGAAGAAGAAGATAAAAGACTGCTCTGCCATGTT GGGTGCTGTTTTCCCATCAGTGGATAAACCCAGAAATACAAAGGATT GTTGAAGATAAGGCGAGGAGAGTGGCTGAAGCAAGGACAATGTC AAGGTTCTGTTGGCCGAAGCCTTGCCAAAAGAAGC	AGA	G	16,1	174	GAAGGCCTTGAGGC AATTC	59,8	ACATTGCTTGCCT TCAGC	60,3	50	50	
195	BrPe3046	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_7 222	3	173	184	12	4	9	CTTGACATCAGCCAGCATGTCAGCATCAGCTTCATTGCCAGCAAGA TTTAAGGTTCTATCTTCAACAAAATCTCCAGCATTGAACTCGGCC ATTATCTCTAATTGCAAATTGTCATTTCCGGGTCCACAGGTTTCATCA CCTTCATCACATCATCATTCACAAGCTCATCATCTTCCAACCTCC CAATGGCTTCTTGTGAAATTTCTGGTTGTCAACAGCCTCTTCTGTT CAACTTTCTCAATGCCATGTAATCTGCTCATCTTCTGCATATTTCA AAGCAGCCTCCATCATCATTTGGACA	CAT	G	16,88	191	CAGCATGTCAGCATC AGCTT	60,2	CAGAAGAAGCCATT GGGAAG	59,8	50	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
196	BrPe3047	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_7 424	3	273	284	12	4	9	CACGGACTTAAGTTTGGCGGAATCGCACTGGGAATGTACTTTTGGGA TTGCACGTGATTGCCAAAATATGTGCTCCTACGCGTATGGAAGGATAT GAAGGCCGTAAGAAAAATCAAATGGACTGCACCCATTACGAGATCAA GATGTACAGACCATCATCATCATGACAAGGACCAGATCGGAATCTGA TGATCAGGAGCATATATGCTCTCGTTTTGAAACCGGTTTGATTCTAA ATTTCTAATGTTTGGAGGGCGAAATGATTTCAAATTTAAAGGTACCA CGTACTGTACAGTATCAAATAACCGTACGCC	CAT	S	15,11	214	TTTGGATTGCACGTG ATTG	60,5	CGCCCTCCAAACAT TAGAAA	60,1	40	45	
197	BrPe3048	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 2707	3	4122	4133	12	4	9	CCAAATATTACTTTGAAACCGAAAGTATTATAGAGAATCATTATTA AAATAGAGAAGAAGACGATTTTCTTACCATATCATGTGAGGA ATGCCTCAGTAATGCACACGATCAAATCCAGTTCAGCTTCCAAACC CTCCATAATTGCAGCAGCAGCAAACGGTGGAGGAACATAAATCACA GAGGCATTAGCCTTCGTTTCAGCTTCGCTTCTGCGACCGTGTGAA AACAGGAAGCCCAAGTGCTCAGTGCCACCCTTCTTAGGTGTCAC CACC	GCA	G	17,14	168	AATGCACACGATCAA ATCCA	60,2	CCTAAGAAGGGTGG CACTGA	59,9	40	55	
198	BrPe3049	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 4263	3	840	851	12	4	9	AGGTAACCTTTAAAGGCTGAGGACACTCAGACCCAAATAACCATC CAATGTCTCATATTGTCTTCAAGTTCATCTCCTCCAGTGAAGACCA CAATCATGTAGTCAATTATTTTGCTTCCAAACAGTGTCTGTAAGCTA CGAAGTGCAGTCTTCTTCTTGTGAAAATCGAGTCTAACTGAGAA AACTACAAGGACGGCATGGATCCCATCCTTCGCCATGTTAATACATT TAACAATTTCTTGCCAACAAATTCTGATCCAGCAGAGAAATCAAAT AGACCTGCAATGACTCCTCATGTAGTCTCT	CTT	G	16,86	179	CACGACCCAAATAAC CATCC	60,1	CCATGCCGTCTTGT AGTTT	60	50	50	
199	BrPe3050	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 5273	3	8002	8013	12	4	9	TTGGTTGAGCAGAGGCCACACGACTTTGATGTCATAGGTTTGAATC CCGAGCTGGACTGCTAACATGGGAAACCTAGGCTGGTTAAGTCTAA AAAATCTTTGTGAACCTACGTCAAAGTTACAGCCAAGGGAAAGCCC TTCCGGTACAGCAACAACAATGGTAACCTGCAATATGTCAGAT ATAAATAAATGAAAGAAACATGAAAGGGAGACTAATTCATGTCAGA TATAAATAAATGAAAGAAACATGAAAGGGAGACTAAGTCAAAGGCC CACATACCGCAACAGTGAGAATCTTTATAACATCAT	CAA	G	17,82	177	AGCAGAGAGCCACAC GACTT	60,2	TCTGACATATTGCA GGTTACCA	58,2	55	41	
200	BrPe3051	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 85703	3	325	336	12	4	9	GGAGTGGTGAGAGAGGATATTCCACTCGCTGAAAGGTTAATATGA ATGGCGGATTTTGGCGATTTATCAAGTGTAGCAGTGAATGGTACT GGCTTAGGAATCGGATTTACAGCAGAATAAGGGTGGTGGATTGAATA ATGTTAGCATCAATAATAAATCTAATCAGATTTCTTACAGTCC TCGAATTTGCCTTTGAATGTCAATGGGATTAGATCAAGCCAAGGAC AGGTACAGCAGCAGAAAATATATCCTAAGCAGCCTAATGTGGGATA TGTGCCCCAGATACCTTTGCAAAGCAGTCTGGG	AAT	G	9,13	185	TATTCCACTCGCTGG AAAGG	60,2	TCAAAGCAAATTC GAGGAC	60,2	50	45	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
201	BrPe3052	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_8 02	3	15122	15133	12	4	9	GAGGGATAAGAAAGAGAAACTTCAGTCAAATAGAACAAATACATAG TAGCTCAAAGAAAGGAAAGTACGTCGTGAGCTGTAGGCAGGAAAG AGAAAATAGAGCGATTGGTAAGCTGACCCTACAAGGAATCTTTAG TTTCGGTTTGTAGTGGGAAAGAAAGAAAGGGGAAAGCACTCTGATC TTTGCAGCACGAGTGAGTTATACACTACCTTCCCACCCCGGTCAGA GAGAAATTGCGTAAGGGGCGAGGCGTAGGCGGAACTTGAAGCTTCT CAGTCTTACTCAACTATCAGTACAGTAAGGCTTCGC	GAA	G	358,52	178	CGTGAGCTGTAGGCA GGAA	60,1	GCCCCTTACGCAAT TCTCTC	61,1	57,9	55	
202	BrPe3053	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 638	3	1418	1429	12	4	9	TGGGGTAGATATAGTGCCTGGAAATTCACCGGTATAAACTCACCA GTAATCTCTTCTGGTGTCCCAATCCATAGCAGAGGACTTGTCTAAT TTGAGAGTCTCCAATCTTCGATCCACATTACCAACAGCCGTAGCAG CATGATCAAAATCATCATCATCTTCATCATCACTTTCTTCTAATCTT CCACATAGGCATTAGCAAAATCCTCATCAATGTCTGGAAAGGAAG ATTATCCCAACAATT	ATC	G	18,95	165	TTCCAATCCATAGC AGAGG	60,0	TTCAGGACATTGA TGAGGA	59	50	45	
203	BrPe3054	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 175	3	2882	2893	12	4	9	AACCTTGTGTCCGGATTAGCTGGAGCAAAAATGAACCAACAACAT TCATTTAATAACCAAGCATGCAAGCGTTTGATAACAATAATCAGAC CATGCTTTGAAACAAGTTGAAAGTAAAGCGAAATGTAACCCGGCGAC GGAAGTGCAGGCGGAGGAGGAACTGGTGGAGCTAAGGCGGAA GGTGGTGGTGGATTGGGAGTTGGAGTTGAGAGATTGGTGAACCTC GTGCATCCATCCGGTTGTTGGCGTCTGAAGCGAGAAAACCGCCTCC GCTGTCTAGAGAGGTTAGTAAACATTCGAGCGAA	GGA	G	13,38	178	CCTTGTGTCCGGATTA GCTG	60,6	CGCCTTAGTCCAC CAGT	59	55	61,1	
204	BrPe3055	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 811	3	2059	2070	12	4	9	GGATATTTTACTCTACAACAGAGATGGAGTTTGCAGAGCATA TCTGAACGATGCCATGCGAAGTCCCGGGATTGAAGATCAGATAA ATGAGAAGCAAGGAAAATCAGCAACTTACAAGATGAGTTGGTAT TGGCAAAGCTATTGATGATGATGAAGCTCGAACTTTGATGGCAGCC ACAGCACTGAAGTCAAGGATAGCTTGGTTAAGTTGCAAGAGA AGCAGGAGCAGTCAGCTCAAGAGGCTCAAATAGAGCAGCAGAGGA TCAAGGGAGTCCACCATAAAATCACCTCCCTTAAAGG	TGA	G	13,68	207	CGCAGAGCATATCTG AACGA	60,1	ACTGCTCTGCTTCT CTTGC	59,9	50	55	
205	BrPe3056	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 173	3	4282	4293	12	4	9	TACTGTTGGATCTTAATGACAAAGACTTCCTTTCTCAAGGCTAGAAA TAGATGTCTGAAGATCTACGAAGGTTTCGGGTTGTCAGTCCAGAGC GGGACCTTTTTCTTTTGTAGTTATGAGTCCTATCCTTATTGAATTTT ACACAGCAACATCATCATACTATTTCGGGAGACATGGTCCAAGC CCGGTGAAATGATACCCATGACTTCTTTGTACCGGGTCCCATTACT TTCTTTCTTTTCCAAGGACGAGTAAGAGTGATATAAATCCGTTTC CCAACCAACGTCGATACCGGCCACATCAG	CAT	G	1.010,54	160	AGGGTTCGGGTTGTC AGTC	60,0	GGGACCCGGTACAA AGAAGT	60,2	57,9	55	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
206	BrPe3057	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_3 173	3	4364	4375	12	4	9	CAGTCCAGAGCGGGACCTTTTTCTTTTATGATTAGAGTCCTATCCTT ATTTGAATTTTACACAGCAACATCATCATACTATTTCGGGAGACA TGGTCCAAGCCGGTGAAATGATCACCATGACTTCTTTGTACCGGG TCCATTACTTTCTTTCTTTTCCAAAGGACGAGTAAGAGTGATATA AATCCGTTTCCAACCAAAACGTCGATACCGGCCACATCAGGAAAG GGATCGCCATGATCAGCATCAAGCTTAATGGTGAATCCATAGGAGT ATCAACAGGGCGAGCACCAGAAAGCCAGTC	CAT	G	1.010,54	145	AGTCCAGAGCGGGAC CTTT	61,2	GGGACCCGGTACAA AGAAGT	60,2	57,9	55	
207	BrPe3058	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_3 575	3	278	289	12	4	9	ATACAAAAGTTTGTGAAGTGAACCAAGAGAGAAAGCACAATAA GACTTCAAAGGTAAGAAATGTAGTTACTTGTATGAATGTGGAAAT GCAGGTCACATTAACCTGAATGTCCAAATCTCAAGAACAAGAAAG GATTCACAACCTGAAGAAGAAGAAAGCCTTACAAGTCACATGGGA TGATCTAAATTCGGATTCAAGTGACAGTGAAGTGTAGAAGAAAAT GTCAACCTATGCTTGATGGCCAATGAAGAACATGATGAAGTAAGTT CTAATTGCTCTCTCTCAATCTGATTTCGAATTTGA	GAA	G	11.078,00	177	GAATGTGAAATGCA GGTCA	59,5	TTCATTGGCCATCA AGCATA	60	45	40	
208	BrPe3059	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_3 995	3	1819	1830	12	4	9	ATCCAACCTCAAGAAGACGTGAGATGTTCTCAGTGCTTGATGCGTA TGTAGAGCTTGTGGTGGTTAAACCCGAGATTTGAAGGAGTAGTG GTGAGATCTAAGGTGGTCTTCTGTCTGCTGAAACACTTTGATGAGAC AACTGAGTACTGTCTGTCTGGTTGAGTCTTGTGTCAGAGGGTCCA AAGATGACTGGAACCTCTTAGCTTCTTTCAGGTGGGTGTTCCAG TAGTTCTTTATATCATTATCTGTTCTCTGTGGAAGGTATGAAGTATG GCCGCCATCTGCTCGGAGAGAACGAAGGA	CTG	G	16,49	180	TGGTCTTCTGTCTGCT GAAA	59,6	CGGCCATAGCTTCA TACCTT	59,2	45	50	
209	BrPe3060	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 352	3	2758	2769	12	4	9	GTGCTTTTATCTTCATATTGCTAATATCTACCACATAAAAATTAAC ACTCCTAAACAGGGAGTATATGGCATCTTCTATATCTCTAAAATCGG AAAAGAGCTGGCCTAGCTTGGGTACCTCGAGCACGGAAGTTGGTG ACTGGCTTTCTAGTAGTAGTAGATTGTTGTTAGAAGTGAACCAAGTC CTCAAAGAACCTAGCGGCAGCACCTTTGTTGTCACCACTAATAAGCT TATTATCTCTGCTCATAGAAGTTCCATGAGTAGCATACCAGTTGAAT GCTCCTATGCTTTGCCACTTGCACTGTCTA	TAG	G	12,18	183	GAGCACGGAAGTTGG TGACT	60,3	GTGCAAGTGGCAAG AGCATA	50	55	50	
210	BrPe3061	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 386	3	717	728	12	4	9	ACCAACATATAATCAGCTTGCCACACTTTGGATGATAGTCAAACCC TGGGCCTCAATAGCCCTTTTGGAGAGAAAAGCAATTTGACACTTCA AACCAACCTCGAAGAAGGTCAATACCATTGGGTACGAAGCGAC TCGAGATCTTTCTTCTTCTTCAAATGGCGAAAGAGATCTCGAAGC GACTAGTCTGATCTGGTACGATTTAGTTGGGGGTTTTGAGTCATAG CATAGAGAGTCTGATTTGATTGGAATATAGATGACTTATAAGTTTA AGGAGATTCAAGACATCTACCTTATGTTTTG	TTC	G	294,18	184	AAAACCTGGGCCTC AATAG	60,3	AAAACCCCAACCT AAATCG	60	50	45	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
211	BrPe3062	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 103	3	162	176	15	5	12	GGCATGTAAATCTAGGTCCTTTCTAGGCAAAAAATTTAAATACG CTTCCTGTGCCCTAATATGATTAGATCTGAAATTCCTAGATTTC ATCAGTAGAAGGACCAGCAATTGAGTAAGTGAAGAACCAGTAGTG CAGCTAGATGTACCACCACCACCTCTAGGAGCCTATGAGGTGT TCATAGCATTTTCGAGCTGCTATGCATGGTGAACAAGACCAGAACA GGTAGCCACAGTCCCTGAGCCGGGAGTAGAGACGGCGATTCCGAAG CTCAAGTTGAGGTCCACCAATGCCAGTTCAGCCGGT	ACC	G	133,8	157	CCATCAGTAGAAGGA CCAGCA	60,3	CAGGGACTGTGGCT ACCTGT	60,2	52,4	60	
212	BrPe3063	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 024	3	1770	1781	12	4	9	TTCTGGGAACTCGCAAGAGAAAGATGTATCCCTAACACAGTCAAT GATTCTGTAGTGGGAAAACCCAGCAAGTTAATCCTTCAAACCC AAGAGAATGACGGTCTCAAACCTCCCAAGAGAAAGACATGTCTC GAACTCAAGTGGCAACAACAACAATGTGTGTGGCGACAACACG AATGAGAGTTCTACAAGTCCCAACAAGAAATGATAGCGATGCCA AGGATAGCAGTAACGCCGACCAAAATGGACAAGTCGATTCAAATGA TGCTGGGGAAATGAAGGCAACAATCATGTTACACG	CAA	G	17,08	155	GAGAATGACGGGTCC TCAA	60,0	TCGGCGTTACTGCT ATCCTT	59,9	50	50	
213	BrPe3064	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 092	3	3493	3504	12	4	9	GGGATGTCTAAGTTATGATCCAAATTTGAAGAAGATGATGATGAG TACGTTTTCCGTAGTCAAATAAGCATATACATAATGCTTGATGATA CCTCTGCTTATATCCAGCGAATTGCTGCTTTGCAAGTATGTCAGG TGAACATGCAGATGATGATGATTATGATAGCTGGAAAGTTCGCAGG GCAGCGACCAAAATGCTTGTCTTTCATTGTTCTCGTCTGAACTT CTCTCCAAGCTTATGATGAGAAGGTATCTCTGTATAAATTCTAAGT TACGCTATGTTGAGAATGTTTTTCTTGATT	GAT	G	16,41	150	ACCTCTGCTTATATCC AGCGAAT	60,5	TTGGAGAGAAGTTC AGGACGA	60	43,5	47,6	
214	BrPe3065	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 135	3	1930	1941	12	4	9	CTCCTGCAAAAGTGGAGCTCTTTGGACTGAAGGAGACAATAAAC AATCTTCAGGGAAGGCAAAAACTATGCCTGTGGAATCAAAGGCAA AAGAACAAGTAAGAACAGGAGTGATGCAAAGAAGAGACAAAGAGA AGGATGGACAATGGAAGAAGAAGAAATGACTTGAGGGACAAACAAT GATACGTGAAAGAAGTTGTCATGTCATGGAGTTTAGTCATGTCCTGT TTTTGTGATGAGCATTAACTATTGGCCATTTTATACTGTCCTGTCT TAAAATGACATATCTTAAACCATGCACCTTTTTT	GAA	G	18,23	171	TGGAGCTCTTTGGAC ACTGA	59,5	CATTGTTTGTCCCTC AAGTCA	58,6	50	42,9	
215	BrPe3066	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 189	3	5494	5505	12	4	9	ACCAACCCCAAGGTATGGGTGGTGGTGGTGGCGTGACGGTGGCTG GAGTGGTGTGGTGGCAGAGGTTAAGCGGAGGAGACGGGAAGTGA CTGACAAGGAGGATCATGGAGCGTTTCTGGAAAGATTGAGATTCT TCCTTTCCCTCAGCCTCCTCCTGCTGCGAAGCTGAGCCTCTCTGG TCTTACTTTTGCCATCAAAGACATGTTTGTATTGCTTTCCTCCTTC TGCTCCATTATATTATCAACATCTGGTCTCTAGTGGATTCTGATGCT TCATAAAGTTTTGAAGCCTTTCACCTTGACTC	CCT	G	13,9	158	ACGGGAAGTACTGA CAAGG	60,2	GAGCAGAAAGGAG GAAAGCA	59,7	55	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
216	BrPe3067	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 267	3	1702	1713	12	4	9	CCATTACTGGTATAAGACCTCGCTTGTGATTGTGTGTGTTTTTTTT TTTTTTTTGCTCTTTTTAGCTTGAACACTGTCATTGAAGCGGAGAAAA AAGCTGCTAAAGACTTGATTCGTGAGAACAGGAAAGACAGGGCCCTT GTTGGCACTGAAGAAGAAGAAAACCCAGGAAGAGTTGTTGAAGCA AGTGGATACCTGGCTCATTAAATGTTGAGCAGCAGGTACTGTTTGCAA GAATTGGGAATCTCATACCCATCTATGTTTTGTTTTCAATAGCCTTTT CCAGGGGTTTTGTTACTGTAATGCTCGTTCC	GAA	S	18,13	217	TGCATTGAAGCGGA GAAAA	59,4	AAAACCCCTGGAAA AGGCTA	59,9	40	40	
217	BrPe3068	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 409	3	240	251	12	4	9	AGGTTGAGAGATCACTAGGGATACTAATGATGATCTGGTTAGGCAA TTAAACACAATAATAAAATAACTAACGCATTGAATATCTGGATTCA GGTGAAGTCAGAACCCTAGGCCTTTAACTCTGCTGATTTCTTTATTA CTTCGTTTCAACAATTATTTAATTGAATTGATTCAACTAGAAAAGACA AAAGGTAAGTTCTGGTCAATACATGCTCGTTGGGTTCAATATCTA AACTATTACTTCATTAGTGTGAACCTGCACCGTTACGTATGTGAATT GGAAAACACAACAACACTAGATCAACCAAAG	ATT	G	73,76	165	CCTAGGCCTTTAAAC TCTGCT	59,1	CGTAACGGTGAAG TTCACA	60,8	52,4	50	
218	BrPe3069	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_7 471	3	5707	5718	12	4	9	TGAATTAGTTGAACAAACGATCTTAAACGTTATAGGTTGAAACCCA AAACGGATTGCACTAACCTAGGTGAGGGTCACCTGATTGAAATGTT GGTGGTGGTATGGCAGGGATTTTCATAGTCATTGATCGATCTATATTC TTGGGTCTACCTGATGATGATGAGCATGAAGGCATGCGCATGGATG TGGACAACATGTCTTATGAGGTAATGCGATTGAAATAAATAAAATA AAGGACACTTACTGTGTTGTTAACTTTATAGCAATATCAACAGGAGC TGCTGGCCCTGGAAGAGAAGATTGGAAATGTTAG	TGA	G	15,83	100	TGGCAGGGATTTTCAT AGTCA	59,1	ATAAGACATGTTGT CCACATCCA	59,2	45	39,1	
219	BrPe3070	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_8 243	3	2234	2251	18	6	15	ACCAATGCTTGTGTGGTTGACAGGAGATTATGTTGTTGGAGACGAA CTGAGCAAGTTGAAATGCGAGCACAGCTATCATGCTGTCTGCATTCA ACAATGGCTTAGAATGAAGAAGCTGGTGTCCATTGCAAGGCGTCA GCATCTACAGCATCATCATCATCATGATGGTCTGCTCCGTAATC AACTAATAGATTGGATCACGCTGGAGACTGAGACTTTTCAATTTGTACA AAATTAAGTCTGCTCTTTTTTTCTCTCTCTTAATTCATTTCATGTAC ATACCGTATGCCTCTCTTTTTCAATAGAATAACAA	CAT	G	15,02	181	GTTGTGGTTGACAGGA GGATT	60,0	AGTTGATTACGAGG ACGACCA	59,6	50	47,6	
220	BrPe3071	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_8 449	3	229	243	15	5	12	GAGTCTAAGTTAAGTCAAGCTAACCCATTGGGCCCGACTGCACT CGAACTAGATGAGTATGACAGCAAGACATCTTGAGTTGTAATTATT ATGTTTCGACGTGATTGGTGTAAATAAATAGGTTTCAATATGCGGG GAAAATGAAAGGGAGGAGGAGGATGATATGATGGAATTGGGC AAGGTGAGTGAAGTGGTTGGCTGGGCACGTTGCTTTAGTTTATAGGC ACATGAATTCACAACATGCTGGCAGTTGATTTCATCTTAGCACAT GGCAACTGCACCATTTGTTTTGTTTTATGTTTCATAA	GGA	G	16,82	169	CGGACTGCACTCGAA CTAGA	59,2	CCAACCCTCACT CACCTT	60	55	55	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
221	BrPe3072	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_8 522	3	960	971	12	4	9	ATGGTCATTGTCTTGGCCAACAATATATGGGTATATTCAGTCTTGAA ATTTCATCAACGGAGTTGGTCGTTCCGACCATCATAAAGTTGGCGCTTG TGCTATCCACAGAGCTCGTAGGGAAGAGGTGGAGAGGCCAGGTCGG AGTGATAGGTTTCTTCTTCTTCACTGCAGGTTTTTGTCTTTGCCAAT CATAGCTTACATAAACAGAGATTCTTCTTGGAGGACGATTACCTGT GGACATCCGTGCCAATCATCTTCTATTCCGTGTGGTTCAATTTTTTCG TTCATGAGTCTCAAGATGGCTATTTGTG	TTC	G	12,17	157	CCACAGAGCTCGTAG GGAAG	60,0	AAGATGATTGGCAC GGATGT	60	60	45	
222	BrPe3073	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_8 601	3	382	393	12	4	9	TGCACTGGCGCTTGAGCTGACCTATTTCTTTTCTCTGCGGATATTGC ACTTCATTCAAAACATAAAGAAAAAGAAATAGAGGGCAAAAACAAA GGCAAAAGACAAACATTAAGTCTTTTTACATTTGAATCGGTGATGAT ATTGACTCATTGTTGTTGTTGCCAGAAGAACTGAAGATGAGTCAC TGCAATGTTACCGCAGATCTTTGAGTGGCAGCTCTTGAGACGTACCA TAGAGTAAAAATTCATTTTCTGACAACCACCGAAACAAAGCA TCTTGGAAAGATTTCCAGTGGATGAGCAGTGA	TTG	G	10,39	153	GGCAAAACAAAGG CAAAAG	59,7	TGGTGCAGTCTCAA GAGCTG	60,2	40	55	
223	BrPe3074	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_8 708	3	1018	1029	12	4	9	GTAACCTATAGCTGTAGGTTTATGGCGATGTGGTGGAGGGTTATCT GCAACTACGACTACAGAGGATGATGAGCTAGCACGAGTCGACGAGC CCCCAGTGGAAAGCGATGGCTGCGGAGAAGCCGATCGAGAAACCA AGGTCTACAAGAGTTGTTGTTGTTCCGACAAAGCATTAGACTGTTCCG GCAAAGAGTTTAGTCTGCTCATCAAGTGTGAGGTAAGGGCAGCAA TATCAGATTGCATTTTCGAGTTGGCCTCTTTGATTGCCGTGACTTCCG AATCCAACCTTGCCAAACCGAGTTTCTGCCATCT	GTT	G	51,2	242	CGATGTGGTGGAGGG TTATC	60,2	GCAATCAAAGAGGC CAACTC	59,8	55	50	
224	BrPe3075	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_9 298	3	1660	1671	12	4	9	GAGGGCATAAAGCACGCTTCAGAGTCATGGGGTTCTTTCAAATTGT GAACCATGGAGTGCCAAAGGATGTTATGGAAGAAATGATAGATGGG ATTCTGCAGTTTCATGAGCAGAGTGTGCACTGAAAGCTGAGTATTA CTCAAGAGACAAGAAGAAGGTTATCTACAACAGCAACATCGAT CTTTATGCCAGAGAGTTGCAAATTGGAGAGACACTTTGTATTTTTT CATGCCGCCAGAAGGGACGGATCCTGAAGAATATCCACCTGTTTGC AGGTAATCTTGGTTCTTTGTTATCTACCAA	AAG	G	15,9	210	ATGGAGTGCCAAAGG ATGTT	59,4	CTTCAGGATCCGTC CCTTCT	60,6	45	55	
225	BrPe3076	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_9 407	3	443	454	12	4	9	AAAATGAATAACCTTATAGTGAGGCGATTCTGAAGGGTCAAAGGCA AGAAAAGCAAATGGTCTGTAATCCTTCTGGACTTGAGAGTAGGGT GAGATAGAGTCTGAACTGTCTTGTGGTAGGGTTACAAACGTACAA CCTGAATCCACAATCATCATATCCACCACAGACTGCAATAATCTG CAATATAGTCATCGTCATAGTGTTTTTCTGTCTTTCTTATTGG TCAAGAATGTGGAAGTGCAGAGCATAATCCATTGCAAGAATGCAG TATCTCAATCCGAGGAACACTCAAGTATCCAA	ATC	G	14,48	165	GCGATTCTGAAGGGT CAAAG	59,8	TTGCAGATTATGTC AGGTCTGT	59,8	50	40,9	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
226	BrPe3077	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_9 535	3	6648	6659	9	3	6	GGAGTTAAAGTATCATTAAATATTTTCATTGGAAAAGAGCACTGAG GAAAAGATGTCAAATGAGAGAAATAAGAATGGGGCTGATATTTAAATG TTCTCACITTTGCCGTTTTCTTTTGAGITTTTCTTATATTCGTTTTTGC CAATAATGTTATTTATTTATCAAATAAAGAAAACAAGGAAAAAGGC TGAACAGATAGGAAAATCATTCCCATATAAATGCTATAGTTTGAT TTATCAGGATGTTTTCTCTTCTTTCCCGGCTTTTTCTCAATTTCTGC TTCTCTCTGAGGTTTTACCTTATTCTT	TTA	S	18,71	235	TGGAAAAGAGCACTG AGGAAA	60,0	CCGGGAAAGGAAG AGAAAAAC	60	42,9	50	
227	BrPe3078	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_9 735	3	536	547	12	4	9	ACGGTATACCGGGTCGGGTTATGGTTCATCCTTTCAAATCAGAGGTG GGTTCATATAGCCAGTAAAGACAAGCAGGACCACCATCAGGTTTC TATCAACTGCCTACATTCAGCAATAGTTCAGCCGGAGGAAGCCTT ATTTCCAACAGCCACCACCAGCAGCTAGAGCTAAAGAACTAAA AATGGAGGACTTGATGCAACATATCATATCAACATATGCAGGA ATGAAAGCCCTGGAGAGACAGGTGAGCCAGTTGGTTAGGCATTGT AGAGTAGGCCAAAAGGAGCATTGCCTTCAGACATC	CCA	G	42,78	242	AGACAAGCAGGACCA CCATC	60,1	TCTGAAGCAATGC TCCTTT	60	55	45	
228	BrPe3079	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 0088	3	1761	1772	12	4	9	TCTGCGTGTGTTCTATGATTTGAAAGAATGATAAGTGGTTCTGTTATT CATGGCCATGACTGCAGGTGGGTAACAGGATCATCAGGAAGAGGAT CCATGTACGCATAGAGCATCTACAGCCTTCGAGGTGCACTGAGGAG TTCCGTCTGAGGAAGAAGAAGAATGACGAGCTAAAGGCAGAAGCA AAGACAAGAGGTGAAGTTATCAGCACCAAGAGACAGCCAGAAGGA CCAAAACCTGGATTTATGGTGGAAAGGTGCAACATTAGAAACTGTGA CTCCCATTCCTACGATGTCGTGAACGATCTCAAGGG	GAA	G	56,82	174	CTGCAGGTGGGTAAC AGGAT	60,0	TGGTCTTCTGGCTG TCTCT	60	55	55	
229	BrPe3080	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 0513	3	356	367	12	4	9	GAAAATTGAAAAATTTTCGTCCAATTAGTTTATGTAACGTTCCATACA AAATCATTACTAAGCTTTTGGTTAATCGCATTAAAGCCTTTTATGCCTT CTTGGTTGCAGAAAATCAAGCTAGCTTATTCCTGGGCGTGTTCCT TCAGATAATATTATTATATCCAGGAGGTAATCCATTTAATGAGGAG GAAGAAAGGTAGAAAAGGATGGATGACTATCAAGATCGATTGGGA AAAGGCGTATGACCATATTAATGGAGTTTATCAAGGACACATTA TTAGCTGCTGGGTTTTCTAACATTTCTACTAA	TAT	G	34,07	160	GCCTTCTTGGTTGCA GAAA	60,4	ATGGTCATACGCCT TTTCCA	60,3	45	45	
230	BrPe3081	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 1075	3	195	206	12	4	9	TCAGAATCACTGACCCATCATCATCACTTTCATCAATATTATCAGG TTTCCGAGCAACTCCACGCCCCGAACTACTCTTTAATTTTTACTGG GAGTGACATCAACTGAATTTTTCTTTTATTGGGCATAATAAAGTCT TCATCCTTTCATCATCACTTGTGAGCCTTTTCGAAGGTGGA TGTTTCACTGACTGATCACTATCACTTTGATGTTTTCTTTGTGTA GGATCCTTCGGTTCTTATCATCTTTAGGCTTCTCTTATCTGTGGCA AAATACTTGCTAGTTTTCTTCTGGCT	TCA	G	12,42	158	ATCAGGTTTCCGAGC AACTC	59,3	CAGTGAAACATCCA CCTTCG	59,2	50	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
231	BrPe3082	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 1391	3	3276	3287	12	4	9	TTATAACCTATTTTGCATCATAGATAAATATGGTTATTTAGTTTATATT CTAACTGCAATAAGACACCCACTAGTTTAGATAAATTATTCGAACCCAA GATTTTCCTATAACTCAAATCTTAAGATCTGGAGAGGTACCAGTTG AGTTTTGGCATCATCATATTATCCCTATCTAGTTGAACAATCTCGA CATTATTATGAAGCAACGCATCATGGATATCACGTCTAAGACATTG CTGTTAAAGCTTCACATCAAATCTTCATAAAATATACAAAAAAGG AAAGAGTCATCGTCTGTGTAGTATAATAT	CAT	S	17,13	168	TTCGAACCCAAGATT TCTCC	59,1	TGTGAAGCTTTAAC AGCAATGTC	59,5	45	39,1	
232	BrPe3083	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 1466	3	494	505	12	4	9	TGATGCATGGAAGTTTCTCTACAAGGTTTATTGATATTCTCAAGCT TCTTAACTTCCTGCATCGGTTTGCCGGTGCAGGAAAACAAGAACC AATATAATCATCCAACGCCAAACAATTTAACTTCGATGGTGGTGGG CCTTGTCTTCTGCTGCTGCTGCTGCTCTTTTGTAGAAACCC ATGTTACCTTGATAAGCACCATATTCAGAACACAGAGGATAAACAT GTCCCAAGTCTTCCATCGAAAACGAAAGTTTTGTTCCCTTTGATC ACTTCTCTCTCTCTCTCAGAACCATCAAC	CTG	G	14,87	154	TAATCATCCAACGCC AAACA	59,9	CGATGGAAGACTTG GGACAT	59,9	40	50	
233	BrPe3084	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 1585	3	1595	1609	15	5	12	TAAATGACTGATGTATACAAAGTAGGATGACTTCTTTCATTCTAG TAATGAATCTGGTTTATTATTGCTAAAGATTATTGGAGGCTTGTGTTT CTCATGGATTTTCCCCCTTTTCCCTCTGGTAAATAATCAACCATGC ATTTATCAATAATAATAAATAATTGTGTTTGGTCTATTCTTCAATTCTG AGTTTCTTGCAAAACACTTGTGCACTTGACAGTTTCTGTTTATAAAT ATAGCTTTGTACTTTTCAGGTTGCTGTATTGCTGGTGGTGTGCGATA CATCTGCTACTGAAACCAAGGAACTGT	AAT	S	18,29	181	CCCCTTTTCCCTCTG GTAA	60,3	ATGTATCGACACCA CCAGCA	60	50	50	
234	BrPe3085	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 1622	3	163	174	12	4	9	TAATGTCAGTATGAAGCTTGTCACTAATATTATAGCCACCCGTTTGA AGGCAGTCATGGCTTACTTGATTAGCCCGCTCAAATGCCTTTGTA CCGGGGTGACATGGTATGGATAATGCTTTGATTGTAGGAAGCTAT CCACTCACTGAAGAAGAAGAAAGGGAGATATGGGTGGATGATTATT AAAGTTGATCTTGAAAAAGTATATGATATGCTTAGTCGGAAGTTTAT CCGTGATACTCTAAAGGATATGGTATCTTGTATTCTTAACTGACG TCATTTTAAATATTTGAAATCAGAAATTTT	GAA	G	17,11	210	TATAGCCACCCGTTT GAAGG	60,0	TCACGGATGAACCT CCGACT	60,7	50	50	
235	BrPe3086	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 1692	3	350	361	12	4	9	GCACTCTCCGACGACCTTTTCTCATAGCCTGCACCCGGAGCTTCT ACTGCCATATCACGAATTCAAATAAAAAACAAGAATAAGATAT TTGGATATATATCAGCTAAAAACGCCATCCACTCCACAAAATTA TCCAGAGTAGCATCATCATTCAAAGCCAGTGATAGAAATGACA TCAGACACTATTAGTTGAATTTCAAACAATTTAAACAAAATAAGAA AGAAATAATTCATAAAGAAATTATCTTTACTTCTCAAAATAGAAAA CTTGTTAACTTTATTACGGTAATACCTGAAATA	CAT	S	32,34	100	CTAAAAACGCCATCC CACTC	59,6	TGAAATTCAACTAA TAGTGTCTGATGT	57,6	50	29,6	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
236	BrPe3087	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 1812	3	634	645	12	4	9	AAGAAGGAAGAAGCAGAAAACAAAAATTTCTGGCAATTTGGATTAC CTCTTGATGCGCAGAACTTGATGCAAGGCTGAGGATCCTTGCTCGAAT CCCTCTTTTGGTATCCACACAACTCCGTCACATGGCTGGATTGACA ATCAGATGGCAGGAGGAGGCGGCTACAGAGCAAACTGTTTT GCTCTGCTTTTCTATGTACGTGCGTGTAAATGTGATTCAGTTATTGA CTAAATCTAACATATCTGATTATATCAGATATATCTGATTAGGTATC CGTTTCGCTAAATGGATATGGGTCGACCCA	AGG	G	82,24	157	ACCTCTTGATGCGCA GAACT	60,0	AGGAAAAGCAGGA GCAAAAA	59,1	50	40	
237	BrPe3088	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 2011	3	2641	2652	12	4	9	TAGAACGAACAGTAAAGTTAGAAAACCAACACAAACAGGGATTCA ACAAAACACATATGACTATGTGATTCCAATCCTCTCAAAACATTAC CTGTTGCTCAACATTAATGAGCCAGGTATCCACTTGCTTCAACAATT CTTCTTGGTTTTTCTTCTTTCAGTGCCAACAAGGCCCTGTCTTTTC TCTTCTCCGGATCAAGTCTTAGCAGCTTTTTTCTCCGCTTCAA	TTC	G	18,14	177	CCAACACAAACAGGG ATTCA	59,4	TGATCCGGGAGAAG AGAAAA	59,7	45	45	
238	BrPe3089	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 2049	3	600	611	12	4	9	TTTTCCCTTCTAACTCAATGCAACCACCTGAAACATGATCA ACCATGGCCAAAACCCCTAAGGCATGAGAACACAACCTAGAACACA AAGAAGGAAGACATGATGCATGAATACCATAGACACATGCATAAAC AACCTTCCTCACCTTCTTCTTTTTATTTCTCTCTCAACTGATGA TCAAGGAGTAAGGAAGGATGAAAATGGCTGGCTGAAGGAGATGGT GTCGACAACAAGGGAGGGGAGAGGGAATCGATGGCCAAAAGAAA AAATGGCTCACCC	CTT	G	1.076,59	194	CTCAATGCAAACCAC ACCTG	60,2	TTTCATCCTTCTTA CTCCTTGA	59,3	50	39,1	
239	BrPe3090	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 2485	3	283	297	15	5	12	AGATACAAAAAGTTCATCAAGTGAACAAGACAAGAAAAATTTCA AAGCTACAAAAGGTAAGAATATTATAACCTGTTATGAGTGTGGTAA TGCAGGCCATATCAAAACTGAATGCCAAATCTTAAGAACAAGAAA GACTATGATAAAAAGAAGAAGAAGGCACCTTCAAGTCACTGGG ATGACTTAAATTCGGATTCAAGTGAAGAAGAAAGCTC	AAG	G	461,67	188	TTCATCAAGTGGAAC AAAGACAA	59,6	TCCGAATTTAAGTC ATCCCAAG	60,3	34,8	40,9	
240	BrPe3091	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 2758	3	828	839	9	3	6	GCAACGGTTGGATATTGTTGTTGTTCTGATTTTTATTTTTTTTCAA TTATCCAGAAAGGAGGCTATGCCATATCATTTTTTAAATGTAATCAAG GCATGTGAAAATGAGTCTGTGAGTTGAATTCAGGTCACCAATAGA CTCGGTAGTCATCATCATCACCTGCAAATGAGCCGGGAAGATATAC AGGAAGAATAGAAAGTCTAAAACGCCAAGCGGGACCCAATGGTT AATTGTTGCCAGAGAAGGCCGAGAAAAAAACAAACCAGTTGCCCTC GTGTCGGTGAACAAGCTCGACTACAAAAGCCCA	TCA	S	12,3	203	ATCCAGAAAGGAGGC TATGC	58,4	GGCCTTCTCTGGCA ACAAT	60,2	50	52	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
241	BrPe3092	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 3095	3	3173	3184	12	4	9	AAAATATTAGACAACAATAATTTAAAAAACAAAAGGAGACAACC AAAAAGATTCTGATTCACAGCAAAAAGATAGTTCTCGAGTGCACACA CAGTAAGTTAGTTCTTGGGAAAGCATAACCAGAACCATGAAACCA GAAGCAGCAGGCAATGATGATGATGGTAAGAGAGACAGACCAAC AGAATAAGTGCAAGAAGCGACATGTTAGACATGGACAACCTCTTGT GTGCCGTGGACGGTGGTTCTCCATGCAGCACAACG	ATG	G	15,27	158	TGCGAAAGCATACC AGAAC	61,2	GTTTGTGCTGCATG GAAGAA	59,8	50	45	
242	BrPe3093	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 3144	3	682	693	12	4	9	AAACCATAATCTTCATTCTGATTGATTGGGTGCACCTTCAAACCTTG CAGGGTGTCTGGGCAGAGCTTCAGTCGATTATACCTTGACAAAGCA TTGCATGAGAATTGAATTTATGCGAAATGTTTATAGGCCGTAAGTGT CTGGCAGAAATGTTGTTGTGTTAATGAAGAACCCATATACGTG CTGAAGATGGTTTTGCTGTTCCAGGTTGAAATATTGTGATTATGAA AAAAATAAGAGAAAAAAGAAAGAAATGTGCATGTGATTTGTAGC ATTTGCTTCTTATTTTATTTTTTCCATT	TGT	S	14,77	152	GTCTGGCAGAGCTT CAGTC	60,1	CAGAAAACCATCT TCAGCA	60	60	45	
243	BrPe3094	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 3336	3	596	613	18	6	15	CAGAACTACTCTCAGCTCTGGCAATTCAGTGGTTGCAATAACAGTA ACTGCAAACIGTTTTAAGATTCTTAACGACTCAGGTGCCATTTTT AACAGGCTATACTCCCCCTAATAAAGTTCTACCAGAATTGGTAGCT TATAGAATGGAAGAAGAAGAAGAATGCAGTGTTTTTCTTCCAA ATAATGAGGAAGACATTTTCGAGTTAAGACGCATGAGTACTCAGACA AATTGATAAATTTACACAGGTGCCAACTAGAAAGAGCCTAGAACG GCCACAAATGTGCTGATTAGGACAACCTCTAAGGATCTC	GAA	S	16,35	217	ACGACTCAGGTGCCA TTTTT	59,6	ACATTTGTGGCCGT CTAGG	60	45	50	
244	BrPe3095	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 3411	3	775	789	15	5	12	AGGACATCCGTCTCATTGTTCCAGTTTCGGGAGAACTCGGAAAACC ATTCCAGGACAAGAATTGAAGAAACCTGGACCATGGAAGAGATCGA TTTTAACATAAGAGGATTGTCATAGATTGCTTTTTACCACCTAGTG ATCTCAAGAAGGAAGAAGAAGAAGAATGTGGTACAGTGAGTGGTA ATGCAAAGTTACCTCCAAGATCCGTTCTGCATCGTTTAGGATTAGT ACATCCAAGGTAGTTGCCATCGATCATGTTGATTACCCAGACTACTT GAAAGGTGATCACGAAGATGTGTGCCATTTTTTCAT	GAA	G	13,17	221	GAACTCGGAAAACCA TTCCA	59,9	CGATGGCAACTACC TTGGAT	60	45	50	
245	BrPe3096	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 3673	3	1047	1058	12	4	9	CATTCTTCGTATCGCAACTCGAATTTGAGGAAGAGGTGATCAAAT ACTCTTGAATTTTATGATGGAGCTGAGATCAAACAGCATGCTGTGATTC CATTCCGGGTTTCGCTCCACCTTCCCTGTCCACAGACGCTTTTGCCG CTGCAGACTCTGCTGCTGGTATGCTTCTTCCCGGTTCA	CTG	G	12,24	180	TCCTTCGTATCGCAA CTCG	60,0	GAACCCGGGAAGAA GCAT	60	52,6	55,6	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
246	BrPe3097	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 3881	3	551	562	12	4	9	ATCTTTGCAAATGGAAGATGTTGTAGACCAGGAATTACAAGAGGAA CCGAAAATTGAAGAAAAGGAAGAACCCCCATTACCATACCTTCAC ATCCAGAGACAAAAACCATGGAACCTGTTCAAGTTGAAACCGAGAA AGAGATGATCCAGAAGAAGAAGATAAAAGCAAGAGCATCCTGC AATGCAGGATGAGGATGAGAACTGGAAACGTTAGATGCCGATGA AGCACGCCCTTCTCCTGACTCGGCAACCAAGAATCGACAGAAAACA ATCATGGCTGAATCTGAAAGTCTGTAGAAGAAAGCCA	AGA	G	12,22	182	TCITTTGCAAATGGAA GATGTTG	60,1	GCAGGATGCTTCTT GCTTTT	59,6	36,4	45	
247	BrPe3098	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 4352	3	234	245	12	4	9	TCAACACCACAATTTAGAGATGCAGGCTACATGCAAAGTCGAGACA ATTCACTCACCGGAGGCACCAGTTTCTGTGTTGGTACTTTCCAGA AAGAAAGATTCGGGGTAAAAAATTGGAGGGGCAACCATCAAAGAA TCTTATGGCTGAGAGGAGGAGAGAAAAAGTTAAATGACCGGCTG TCAATGCTCAGATCAATCGTTCCAAAGATAAGCAAGTAAACATG ACCCAATTAATGGCTTATGCAGTTGATTTACATTTAGATTTGGAGG TTCATTTGCCAGACTTGACCCCCCTCCCTCTC	GAG	G	9,06	169	AGGGCAACCATCAA AGAAT	60,7	TGGCAAATGAACCT CCAAAT	60,3	45	40	
248	BrPe3099	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 4634	3	160	171	12	4	9	TCCATCGTGTTCCTCTGTGTGACAACAAATGCGAGAGAAACCATG ATCATACGAACAGCAATCAACAACACAAGCAATGGACCAACGATT CCTAAACACCCACGTTAAACTACTAGCCTTCGATCTTCTCCCTCA CGCAACCGCTTCTCCTCCACAGACGCGACGCTTTTCTCCCGC AGAGGCGCGCTCTAGCACGCGCCGAAACGCTGGGCATCGTTACGT CCCGAGACCATAAACCGAACAAGTTCTCAAGTTTACCATTGACGA CGGAACCGGATGCGTCAGTTGCATGCTCTGGCTC	TCC	G	6,41	212	AAGCAATGGACCAAC GATTC	59,9	GGTTCCTCGTCAA TGGTAA	60,8	45	50	
249	BrPe3100	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 4793	3	1610	1621	12	4	9	GCAGTCTCCTTAGTTCCTCAACTAATCTCATTACTTCCCTTCATTAA ATGCTTGAATTTAAGACCTCCCTCTTTGGCAGCAAAATTAGGTTG TATGGAGAGGCAAAATATCATTCTTACTTAGACATTTGCAAGAGACA AAGTAAAGGAAGAAGAAGCAAGAAAGAAAGATGGCCGTTTTTA CCCTTCAAAGTAGCCTCAACGACCTCACAGAGCATTTATAGTCTG ATGATCTTGTAGAAAGGAAGAAAAATACAGAGAGATAGAGAGAG AGATGGTGCATTTCAAGAAACAGTCTGGCCT	GAA	S	15,21	237	TTGCCAGCAAAATTA GGTGT	59,6	AGGCCAGACTGGTT TCTTGA	59,8	38,1	50	
250	BrPe3101	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 4899	3	616	627	12	4	9	GTAAGAATGTTGACTTCCAGGCCATGATATCAACTTGGTGTTCCTCA TGTATTTCTAAGAGTTCAACAACAAAAAGGTATACATGATCATCTCC TTTTTTTCCCTGAGTTTGTGTTGCAAAATGTCGATTTCTTAGGTT CATAATCCTATTATTATAATGTATCTAAGTACAAGGAAAAGAA TATGCATGTAAGTACTCATGAAGACAAGATACCAATAGCACCGG CAAAATTTGGATTCCTACTTAAGTATATAAATGTTATGCAGGTAATG ATAAGAGGCACTATTGAAAGCCAATGTG	TAT	S	18,65	204	CCCTGAGTTTGTGAT TGC	59,1	GGCTTCAAATGAG TGCCTCT	60,8	52,6	47,6	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
251	BrPe3102	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 4975	3	188	199	12	4	9	AGTCGGTGTATTAAAGTCGGAGATTCTCGAGGGATGAAAGATGTT TAGAGATAAAAAAATACTGTTATCGAAGTGGTTGTCATTCAAGTAG AGCAATCGTAACCTGTTCAATTGCAAGAGTCCTTGCCACCTGAAGG AAGTCATTAATAATAATAATAATTTCATTGATTCTGCAATTGACTA ACAAACACAAACCATAAGCTTGAAATGAAATATTTTACCTGTGGAT GACACGAATTGGTCAATCCCATTGCCATCCAAGTACAATACCTCCA AGTTGCTTAAAGCATTTCAGTTCTGGATTGTAAG	ATT	S	89,31	156	GCAAGAGTCCCTGTC CACCT	59,3	TTGTAAGTGGATGG CAATGG	59,4	55	45	
252	BrPe3103	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 4994	3	2577	2588	12	4	9	GGAAGGCGTGCAGCAGACCATAAGACTCACAAAACCTGACACATA GGACCGCAAAGTGGCCAGTCAACAACCAAGAGAAATTTCCCATCA AGTGCCTTGTAGAAATCCATATGCATGCCAAGTATTCTTGGACG CCGCTTGCAGACTGATGATGAATCGATTCCCCAGGCAAAATGCTC CACAGAGAACTGCAAGTAGGCAAGTGTGTATCCCCCAAGCATGGA GACAATCCCGTCAGTCCGTTTCTTCTCTGACCTTGAACAGCTA TAAACCAAGATGGCAGAGTCTCTTGAACAGTGA	TGA	G	13,74	185	GACACATAGGACCGC CAAGT	60,0	GGGGGATACACACT TGCCTA	59,8	55	55	
253	BrPe3104	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 5525	3	4240	4251	12	4	9	AATTGACATGAATACATGAATCAATGAAAAACATAGCATAAGATGA TGCAATGTGAGTAGGATATGACATGGTTACCAATACAAAAATACAT CCTTGATGTGCGTTAAGCATATAATAAAGCAATGTCTTGTCTTC ACTTCAATAGTGAAGAAGAAGATCGTATAGCAGTAGAAGGTGACA ATGATTTAGTATATTTATGTGTCATTGCTTTTATCATCATCTCCTT GTTTGTGTTAACTGAAGAAAAATGTTGTTTGTGTTATCCTTTAAC ACGACTCTGTTGCCATTCAATAATATGAGG	GAA	S	17,27	210	CCTTGATGTGCGTTTA AGCAT	60,1	TTGAATGGCAAACA GAGTCG	59,8	42,9	45	
254	BrPe3105	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 5709	3	740	751	12	4	9	GTAAAGAAATGTAACTAAGCTATGGATCACCACAGCATTAG GACCAATTCCTTCTTGAAGTTCTGCCACAGACAAAGCATCTCCCTA GGACCCCTGGTAGTGAGCAACAACATAGCCATCCTTGACCCTTCATT ATAGATTCTCTCTCTCTCGTATTAACTTCTAAACCTTCTCTTCTT CATGTCTGCAATCCAGATACCATGGCTACATCTTCTAACTTAAACA TCTGCCACATCAACCATGAAGATTTCAACAGCAAAATAAACATT GATGATCTGTACATGGTTCTGGACCAGTA	CTC	G	17,58	159	AGGACCTGGTAGTG AGCAA	59,7	TGGTTGATGTGGCA GATGTT	60	55	45	
255	BrPe3106	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 5768	3	1363	1374	12	4	9	GAGTAAACCAGATGGTAATACTACTGAGAATATGAAAGAGATCATT GAACTTATGGTTGGCTACTATAAAGACCTCTGGGAACTGACAATCA CAACAAAACCCATATTGTCCATGATTATCTAATAAACAGCAGAGCT CTGATCACTTGGGAGGAGGAGGAATCATTAAATGCTAACATATCTC AGGATGAGATCAAAGCAGCATTATGGAGTATTAATAAGAAGATGGC TTTTATTGTAATGGATTCAATTCATCTTTGTTTCATTCAATGTTGGGA TATTATCAAGGA	GGA	G	19,15	202	TGGGAACTGACAATC ACAACA	60,0	TCCAACATGAATG AAACAAA	58,9	42,9	33,3	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
256	BrPe3107	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 6115	3	288	299	12	4	9	AAAAATGGCAGAAACCAATAGACACAAACTGAGAATCAGGACAAA AACACATCTAAAATTGAGCTCTTTACGAACGCTTCCACAGTATCC CCACCGAACACATCCGTATCTATAGAAACCTTCATGGTCTGTGT TGCCGCAGATTCTGCTGCTGCTGGTGTCTTTGCCCATAGAAAT TGCACTGGAAATCACTTGATTCCCTTTTTTTTTGCTCTTACTCTACA GACACTCTCCCTCTCTCTCTCTAGCGCAITGAGAATTTGTAT GTTCTCTCTTAAAAAAAACAACTGGG	CTG	G	19,13	178	TGGCAGAAACCAATA GACACA	59,2	TCTATGGCAAAGA ACAGCA	59,4	42,9	45	
257	BrPe3108	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 6268	3	2725	2736	12	4	9	GAATATCAGGGCATTGGCTGTAAACTTTAATGATACTGAGATTGA TAATTGGAAGCAGCTATTACCAGATATTGAGCATGTTGTTCTGCAAC TGGATAATCTAGCAAAAAATGTAACCTGGGAATCCATTTACCCAGA ATGGATAGATGAAGAAGAAGAATTTGAGGTTCCCACTTGCCCTCTTT TTCTAAAATTAAAGTTCTGGTAAACCTCGAATTGATGTTGTTGCT GTCAAGCTTCTTGAATAAGTCAGGGAGCTGGTCTAGAGACGTTG CTCGATTGCACTTGAACCTTGGCGTGGCAAAT	GAA	G	15,8	190	GCATGTTGTTCTGCA ACTGG	60,3	CCAGCTCCCTGACT TATTGC	59,8	50	55	
258	BrPe3109	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 6350	3	2839	2850	12	4	9	TGGATGCAACAGCACCCAGTTGCAGTCTCCAACCTGGGTTCATAT GCGTCAGAACATTAACCAGCAGCTCCGCTCGAGTACCCAAACACC TTCTCATCTCTCCAGGGAGGTCATCAACATCATATAGCATTGATCA ATCTGGAGTGTGACGAGCAGCAGTTTTGTAGTCCAGGCTGTGCTT TTGCTAAGCGCAGTCAGAGCTTCATCGAACGAAGTGCAGTGAATCG CCATTGAGGATTTCTTACCAACTCTATCAAATACCATGATGTCTC CAAACCTGTCAGATTGGGGTCTCTGATGGAA	CAG	G	14,94	180	AGTCTCCAACCTGGGT TGCAT	59,6	TCTGACTGCGCTTA GCAAAA	59,9	50	45	
259	BrPe3110	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 7399	3	10730	10741	12	4	9	TGAGGACTTAGGCGATAGTGAACCGATTGAGCAGCGGCACCGTT GACGAAGGGGGCCATGATGAAGAAGATTTGGATGAAGAATGTGGG GCTGAATGTGACACAGGGGAAGACGACGATGATGTTGATGGTGCAG GTGAACCTGTCTTGTATGATGATGAAGTCCATGTTAGACAAAAGGT ACTGGAGGTGGATCTCAGGAAGCAGCTGATTTTGTAGCAGGAGCTG AGGGCTGTAATGCAGGCAAGATTGAGAATACCCAGTGTCTGATTATA TTTCTAATTAGGAATGCTTTTCTTGGTTAATGTTGCA	TGA	G	18,53	151	GAAGAATGTGGGGCT GAATG	60,5	TCAGTCTCTGCTCA AAATCA	59,7	50	45	
260	BrPe3111	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 7440	3	2781	2798	18	6	15	CTTGAACCTTGATTATCCTCAGGAATTTCTAACTACGAGAAATGGT AGAAGAGAAGAAAAGAAGACTAACCTATTGACGCCTCGATATATTG AAGTCTTTTACCACGTAGCAATCCATGTCTATGAAATCTGAAATTC TACTCATATACGACGACGACGAGCAATTAAGATCCATGCTTG GATTGATGAAGGACATCTATGAGAAAAATCTTAATATGATAATATG CAATGCAAGAATACTTATTGTTTCTGACAAGTCTTAGAATCAAGTC AACCAAAGTATCTTAGTGTCTTAGAAGTTTCTTAATGT	CAG	G	16,56	102	TTTTTACCACGTAGCA ATTCCA	59,5	GTCCCTCATCAATCC AAGCA	58,6	36,4	45	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
261	BrPe3112	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 8323	3	4525	4536	12	4	9	GCCAGTTGCTCCATTGCAATTTAGTCATCTTTGTCCCTCCTAAAAG ATCTCTACTTCACTGCTAAGATCCATAATCTTTGTCCAGAAGGCA AGTGTCTTCAGCATCTCTGTGTTCCCTTAACAAGCTTTCCAATGCCTT TTGCTCTTCATCATCATCAGACTCGCTTCTTGACATGTCATTATCAGA AGACTTTAATTTGTTAGATAGATCAGTAATTTCTTGGTCTTCTGATC CAACATTCATCCAGGTCTTTCACAGCAAG	TCA	G	18,53	189	TTTGTCTCCAGAAGG CAAGT	60,0	TGCTGTGAAAGACC TGGATG	59,8	45	50	
262	BrPe3113	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 8371	3	1719	1730	12	4	9	GGAAGCGCATTCTCCAGGATGGTCCAAAGTACAGGGCCAGCTAATG CCCAGTACCTACGTAGCTTAGTATTGACAGCAAGGAGAAGTCCAG TACGAAAGAAATGAAGATGCAGAACGGTCCAGTAGATGGCTAGCT TCCTCGAGATGGGCTGTGCTCAATATGCTCTGGTTGTTAGCCT TACTAGTGACAGGGTGATGTTTCATAGGTTGGAAGTTGGAGGGGAA GACAACATCTGAAGAAAACAAAAGATGCCGTCACAACTTTACAGG ATGTGCTGGTGGGAAGCATGATGAAGTAATTGAT	GCT	G	15,53	231	TTCTCCAGGATGGTC CAAAG	60,0	GATGTTGCTTCCCC TCCAA	59,9	50	50	
263	BrPe3114	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 8807	3	466	477	12	4	9	TAAATATAGAATACTTCACAAAATTTTAAAATTATGAAATTTGAAA AATAATATTATATGGAAATTTGAAAGTTAATAATCCGCAATTCAAAGA TTTATCTTAAATACTATCTTAAAGAATTATGATTGAACCGTTTAAA TTTCAAAGATTATTTATTTCTTAAACTTCATAATTTATGACA AATAGAGGGTTCGAACCTGATTTTGGTTCGAAGGAGGAAGAATCCA ACTAATACACCATACCCCTCAGAACATATTA AAAACATTTAAGAACT AAAATTACTTTTGTCTTTTACTGAAACCT	ATT	S	14,61	156	TGAAGTTAATATCCG CAATTCAAA	59,9	TCCTTCGACCAAAA ATCAGG	60	29,2	45	
264	BrPe3115	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 9156	3	320	331	12	4	9	AGATTACTGACTAAAACATGCCAGGATATGAACATAGAACTACCAG ACAAAGACCTTAGTACTACTCACTCCACTATGTGGTTCCACTATCAC AGCATGCAATCTACTGTTAAGCAATTATGTATTGAGTACCCATCTT TCTCTCTGTCTTCTTCTTTGCAATTTGGATCATAGGTTCTTCTGC CTCTACAAGGCAATCTGATTTGTGTTTTTTCATACTGGATTCTCTACAT CAAGTAAATCACAAATACTATTCCACAAAAACCTTAATAAAACATG AAGATTTAATAAGAAATAACAGCACACAA	CTT	G	50,84	188	AAAACATGCCAGGAT ATGAACA	59,3	GCCTGTAGAGGCA GAAGGA	59,6	36,4	55	
265	BrPe3116	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 9343	3	902	913	12	4	9	AAGATTATATGTATGTAAAGAGGAAGACGACTAGCTGATTC TGTAATAAATGGGGTCCATCCCCAATTTTCTGCAGGTAGTGGGG CCACGAGTGGCCACTGTATGGCCCAATTGATTGGCTGGGAGTCT GAGGCAGAGAGTCAATCATACACCATAGGAGGACCCAGCTGAATT TACACAGTCAGTGCATGATAGAAGTGCAGGAACAATACAGATTA AGATCGCGCCAGCCACAGGGAACAACAACCCCAAAAATAT GGTTTTCTGTGTTAATGGGTATTTGTTATTTGGTG	TCA	G	16,34	167	GGTCCATCCCAACT TTTCT	60,2	CGTGATTGTTCTGC AGTTC	59,3	50	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
266	BrPe3117	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 9688	3	6790	6807	18	6	15	CCCACTCGCTTGCAGGGAGATTGGAAGTAACATTACCAATCGTCTCC CTTTAATAACCCATTGTGGTCTGTGCTTTGTAACGCTCAAAACAAT CTGCAGCAGCAGCAGGGAGGTTCTCATGGGATTCCAACGAACAGC AAAAGCAAGGAGAAGAAGAAGAAGAAGAGTATCGGGTGGTGTCCG CTGTAAGAAGCAGCTACAACGATATTGTC	AGA	G	18,31	102	GGTTCATCATGGGATT CCAAC	60,6	GACAAATATCGTTGT AGCTGCTTCT	59	47,6	41,7	
267	BrPe3118	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 0151	3	7988	7999	12	4	9	ACCGAAGAATCACTCACACAGAAAAATCGTTTTATTTTTCTTTTCC ACCGGGTGGTGTCTTTTGGTGGTCGCTTAAGAGATGGTGGACGACA GTTTTGTTGGCAAAACCAGTGAAGAGACTCCGAAGAAGGGGAAGGA TAAGAAGAGAAGAAGAAGAAGCGTGGAGGCAGCGGAAGAAGAT GACAGCCGAGCAGGTTTGGCTTCAAGCGGTTAATGAATGGGTG TGTTGGGTCAGCAACAGCAGCAGCAGCAGCAGCAATCTTTTGTGGT TGATGATTTGGGGTACAAAAGTGTAAAGGGAGA	AAG	G	15,93	190	GGTGGTGTCTTTTGG TTGG	60,2	ACCCAAACACACCC ATTCAT	60	50	45	
268	BrPe3119	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 0244	3	2426	2437	12	4	9	TCCGGCTATGTAGTCACATTTATAGAATCCACTGTTATTATATCTA GAGCAAGTCTTATACCGGTCATGATTCTTATCTTATTTGICCTCAAT ATATATATAGGTGGCTGGGTTGGTTATTTTCATACGATACAGTCCG CTATGTCGAGAAGAAGAAGATCCCATTTTCAGGAGCTGATCCTGCC GAGGACAGAAATCTCCGGACATTCACCTGGGCCATATGATGATG TGATCATATTCGATCATGTGGAGAAGGTATTCTCATCTTAGATTGCT AATATTGTTAAACTCATCATATGATGCATG	AGA	G	22,94	208	TCCGGCTATGTAGTC ACATTT	57,3	TCCGGAAGATTCT GTCCCT	59,2	42,9	50	
269	BrPe3120	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 0286	3	714	725	12	4	9	AAATAAGGACATACAAAAACAATAGCCTTAGCCATTGTAAGGGA CCCAAAACCAGACGTGACGCCCTGTTTGGTTTCCACATGCATGAT CCATTATCTCTATAACTATACTATTCTTCTGTCGTCACGATCCCA CAGCTTCTCTCCTCCTCCTCAGCTAGCAGGTTCCAGTCCCGAGAT TGTTGTTCTCATCATGTGATCTACCAGAAAAAGGTAGTAACACAGA AATGATGGAGGTCTAATTATAATAACATGATGCTTGGGAGGGTTG CGTTAATTATCTTAATAAGTGAATAAAATGG	CTC	G	14,72	158	GTCACGATCCACAG CTTCT	60,3	ATTAACGCAACCCT CCCAAG	61,2	55	50	
270	BrPe3121	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 0399	3	2435	2446	12	4	9	GGCACTGACTTTTTATTTTTCCGAGAGGCAAAAAGAAGACCTTAC AGTAAAATCATCCGATTGGAGAAACAATGGATGCAAGCAAGCGC TGGAGTTGGAAAATAGAGCAACTCAAAGGGTCATTAATGTGATGAA GCACATGGAAAAATGATGATGATGTGAAAATGTTGAGAAAAGATGGAT GCAATGATGAAAAGATTGAGGGAAAAGGAAGGAGAAGTCAAGAT ATAGATGCTTTGAATCAAACCTTATTGTAAGGGAGCGCATGAGCA ATGAAGAGCTCCAGGAAGCCGCAAGAAGTAAATTA	ATG	G	16,85	205	AAGCGTGGAGTTGG AAATA	59,8	TCCTGGAGCTCTC ATTGCT	60,1	45	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
271	BrPe3122	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 0513	3	258	269	12	4	9	ATTAAAAAAGGACAAAACAAAAGATTGTGAAAAGGAAAAAACCTCAAATAATGGAGGAGAAGCATTGGATGTTACTGCACATGAAAGAAAGAGAAAAGGTGTAATAAAATTTAGCACCATTTTTGCTGTGTCTATTACTAGGCAGAGGAGAAGAAGAAGAGGCATGGAGAATCCCAATGCTCATCAGTCTATCAGACATCACAGCCTGCACTTGACACCCTCTTGTCACCAATTCTCTACTAAAACCACC	AGA	G	11,15	100	AGCACCATTTTGTCTGTCT	59,8	AGTGCAGGCTGTGA TGTCTG	60,1	42,9	55	
272	BrPe3123	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 0572	3	177	191	15	5	12	GAGACGGTCTACCCTTCGGCCAGTCGTTGTTCCTTAATACACACAATTTACTCTTCTCCTCTTCCATTCCTCCACCATCCACGACCCATCTGATAACCATCCCCATGAAACCTGGAAGAGGAAGTTTTATACCTTGCATGTGTGACCACCACCACCTTCTCTTGTACTTACATTCAATGTTCCCTGGTCTGACTATTCTGTCAATTGCCCTCCCTACCTCATTAAACCTATTGTTCCATTCGTACAGTCATTCCCATCCACATGAAATCATCCCAAAATTTCCCATCCATTACTTC	ACC	G	16,82	185	CCATGAAACCTGGAA GAGGA	60,0	TGGGATGATTTCATG TGGATG	60,1	50	45	
273	BrPe3124	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 0685	3	7138	7152	15	5	12	AATTCAGTGTATCTGTGTAAGTTCAGTCTGGACTCTGTAAAGCTTGGCTTATGCTTTTGTAATTTATCCACGTACGTATGTAATCCACATTTGACTTTGCTTCCCTAATCACAAGCATCAAGCATGCGTGTGGTTCAATTATTATTATTTAATTATTTTTCGGGTTTCAATCAGATCTTTCTATAATCTATCAACTTAGTTTCATTAAAGATTTTGGGAGGTTTTATTACCATGAATTTAAGACCAAAAAGATATTGTGATTGCATTTACGATAGTTAATTAGTTATAA	ATT	S	14,24	162	CCAACATTGACATTT GCTTCC	60,4	TGGTAATGAAAACC TCCAAA	59,3	42,9	38,1	
274	BrPe3125	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 0931	3	1853	1864	12	4	9	AAAGGGTTACTCCAGCCCAGGAACGACTGAATTAACAAAATTTAAACTTTGGCGTAAAAAAGAAGAAAAACAGGGATTTAACATGACTACATTTTGGAGCATTGAAGAAGAGGAGAGCCTTGTGGAGGGCAACAGTGAATTTGTCAGGAGGAGGGGTGAGGCTTATGCTTAGGCAAAATGTTGACGATGATGGTGGGAGTGCAATGAATAGAAAGCCACACAATGGCGTAAAGAGTATACTTGAGGGCCTTGTGGCTGCAACAATGCAACCAAGTCTACGACTTTTTCTCTTGGCCTC	AGG	G	15,48	150	GAAGAAAAACAGGG ATTTAACATGA	60,9	CATTGCACTCCCA CCAT	60,3	30,8	55,6	
275	BrPe3126	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 0980	3	3656	3670	15	5	12	TTCTGCATTGCACACATTGACTATGCTTTCATGTTCCAGGGCCTTGGCAAACTATCTCAATGATCGCCCTTATACAAATGCAAAAGCTTTGAGTCAAAATCAAATCTGAAGATCAATCTAATCCAGAACTGAAGCATTGAATTTGGATGATGATGATAATGGCGGTTCTACCTCAGGTAAGGCCAAGGAGACTGCAGAATCTTCTGATGTTAAGCCAGTCCCAGAGTTACTACTTCTCAGGGACATTTAGCAGAAGAAGACCAGCTGGTGGCACACTGGTTGTGTICCTGCTAGTGTCTCCGA	GAT	G	17,89	204	TTCTGCATTGCACAC ATTGA	59,8	TGCAGTCTCCTTGG CCTTAC	60,4	40	55	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
276	BrPe3127	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_2 1092	3	262	273	12	4	9	AAACGATATCCTATATAAAAGACCCATTGAAAAGAAGGTCACAATT GAGGATCTTAAGTCTGAAGTTAAAGATTGAAAAGATGAAGTAAGGG ACATTAAGCCGACATAGAAATATTAATAAATAGCAAAGGAAACA GGGTGGTTAGTTCAGAAGAAGAAGATACAGATAATGAGGACATTA TGTAATATCTAAGGTAATATCATAAATGGTATTCTTTAATCACCA TAGTAATAAAAGATT	AGA	G	204,04	210	GACCCATTGAAAAGA AGGTCA	059	TGGTGATTAAAGAA TACCATTATGA	58,1	42,9	26,9	
277	BrPe3128	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_2 1293	3	1388	1408	21	7	18	TTGAAGCTCAGATCTGTAACCTCAAAGGATAGGCTTATAAATAAGT TCACCAATTAATGATTATATTTCTTAAATTTCAAGCTTTCATTTCT GAGAATACAATATATTTTTGTTTTCAAATTTAGTTTAGAGGAATAAA GGTTATAATAATAATAATAATAATAATAAGCATAACCTTGTCTACC ATGCATTACGTCGCTATGGACGCATTAAGTAATGGGAAATGATAGC AAACTCATCAAAAGTTGGCTTACCAACTAATCATAGAAAATTTGGCT AATTCAGGTAAACTAATGGGTATTCCGTGGAATTTCCA	TAA	S	16,47	204	GAAGCTCAGATCTGT AACTCAAAGG	60,0	CATAGCGACGTAAT GCATGG	60,1	44	50	
278	BrPe3129	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_2 1435	3	1140	1151	12	4	9	TGCTGCGAATCACACCAGTTGGGAACCCAGTAAGATAAAAAAGAAA GTACATTGTCAGGAAGAAAATAAAGGTTAAGGTTGACGGTTGAGGT TTTAGATTTGGAAATACAGGGTTTTGATATGAAAGGGGTTATGACG GTTGTTGGGGCGGTGGTGGTGGTCTATTCCAAGCTCAAGATGGAA GGTGGGGACATAGAAAAGAGAGGGACGAGGGGAGGGAGGTTAGG	GTT	G	62,05	106	CGGTTGAGGTTTGTAG ATTTTGG	59,9	ACCTTCCATCTTGA GCTTGG	59,3	40,9	50	
279	BrPe3130	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_2 1663	3	5438	5449	12	4	9	GGCCAGAGGATAAATATTTGAGCAATCTGACTATTACCTCAGCCTA CTTTTCTCATATGCAAGCAATTTCTCATACTCAATCTCATCATCTTG TCTTCGTCATTTTCATCATTATTGTCATCATCGAACAAGCCAACAGG ACCACGAACTTCTTCTTCTTTCATACGCTGAAGTCCAATTCGGATG GATAGACAGCCAC	CTT	G	17,82	106	TGCTTCGTCATTTTC ATCATT	57,2	GCTGTCTATCCATCC GAATTT	58,1	31,8	42,9	
280	BrPe3131	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_2 1966	3	5081	5092	12	4	9	TGTTCAATGGACAGAAAGGGATTGTATATGCAGTAAGAAAAAATT CCCAAGTTCTTCTCATGCTTTCTGCATGCGCCATTTGAGTGAAAGCA TTGGAAAAGAATTTAGAACTCAAGGCTTGTAATCTGCTCTGGAA AGCTGCTTATGCCACCACCACCATGCTTTCAAGGAAAAGATGAAC GAAATTTAGAGGTTCTCCTCTGAAGCTGCAAAAGTGGCTGCAACAGT TTCTCCCTCTGCTGGCCTTGGTTATTTTGAAGGAACAAGGTAC GGTCATCTGCTCCTCAACATTGATGAATTTAATA	CCA	G	16,09	172	CGCCATTGAGTGAA AGCAT	61,2	AGCAGGAGGGAGG AAACTGT	60,3	45	55	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
281	BrPe3132	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 2331	3	1612	1623	12	4	9	GGTAGAAAGACATGGAAGAGGGCTACTGAAACTCCCTTCCCAAGA TGTTGGTGAAGGGTTTATGGAGTAGGTCCTGTTTACGCCGATTA TCTGCTGCAAGGAGAGAATTTTATGCGTTGTATGTTCAAGAAGGATT GGATATTAATAAGAAGAAGAAGGACAAGAAAGGGTTGAGAAAAGT GTTGATGATGGCTCAGAAGCTTGGGTTAAGCACTAAGGAAGTCACA AAGCATGACCTCAATATGATTGCAGATAACCGCCCTCATCAGGGAC TTGTGCTTGATGCTTCTCTTTGGAGATGGTGAAA	AGA	G	13,45	237	TTGGTGAAGGGGTTT ATGGA	60,2	CAAGCACAAGTCCC TGATGA	59,8	45	50	
282	BrPe3133	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 2370	3	763	774	12	4	9	ACATGCATGAATGGAGCTTTCGTGATCGTGAGTATGGAAGATTTATT AATTTTTTAGTGGGTTTGGTGCATTTCTTTATTGATGGCAGTTGCT GATCCCAAGGTGGGAGGGATTTGTTTCGTTAATTTTTGTGTGC GAAGAAGGAGAAGAAGAAGAGACCAAGGGAAGATGAAAATATTG CTGCGAGTCATGGAGTGAGAAGCAAGTGGGGTGATGAAAAATCAA TGGCGCATTGATTGTTGAACAGAAGAGGTGGGACCCCTTGATTAT GCCCGGAGAGAAGAAGAAGTGCAGAGACTTTC	AGA	S	11,64	182	CAGTTGCTGATTCCC AAGGT	60,1	GGTCCCACCTCTTCT GTTCA	60,1	50	55	
283	BrPe3134	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 2454	3	382	396	15	5	12	AATTCTCGCATAGCAAGGTTTCATCATAGAGGTGCGACCACCTCAGT ATACAGTGCATGAGGCGCAGAACATGCAAGATGATGGACACAAT AAAGGAAGAGGATAGAGAAGTGGTTGTAAGCGATTCTCTAGCTTCG TATCCCAAGTCGTTCTTCTTCTTCTGCAAGTGAACATATAGGCGCT GCTTCTGCTGCTGTTACTGTTCCAAAGTCTTTTTTTCATCAGAGG CATTGAAAGAACCCTTTCCAATCTTTTTTTTTTTTTTTCATTTTCA AAAAATAAGAGAACTCCTGAAGGTCTTCATGA	TCT	G	16,83	170	TCATCATAGAGGTGCG CACCA	60,2	AGCAGCGCCTATAG TTGCAC	60,2	50	55	
284	BrPe3135	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 2586	3	527	538	12	4	9	ATATCTGATCATCACTCCAATACAACTAGTATGCATAAGACAGTG AGTAAACTACTCATCAGGCATCACCCATGTTGAAGGCCCGCCCAT CCCCTTCAACTGCTGGAGGCAATCGCACCGTAGTCTACCACATG TTTATTACTTTTCTTCTTCTTCATGGACACAGCAACCAAGCCACTCTG TGACTTTTTGACATCAGCAACTTTATCAACGATCTTTTTTCGACTACC ATGTTTGGGACTTTCTGAAGCATCAGCAGCAAAAAATTCAGCAAA GACGCTTCGGCATTATCAATAATGTCAAGT	TTC	G	145,74	167	CCATTCCTCACTCAA CTGCT	60,1	TTCAGAAAGTCCCA AACATGG	60	50	42,9	
285	BrPe3136	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 2962	3	859	870	12	4	9	AAGCAATGAGGATGAAGATCAAGTCTGAAGGTAGAGGACCAGACT GGACATTTCAACAAAGCCACTATTGAATGTTATAAATGTCACAACCT AGGACATTTCCAATATGAATATCCAAAGTGAATAAGGAGGCAAA TATGCAGAGTTAGAAGAAGAAGATGAGCTGTTGTTAATGACATATG TAGAACTATATGGAGCAAAGAGAGGTGATGTGTGGTTTCATAGACT TGGATATGTGTAGGAATCAAGGAATTTTTCAAGTTTGGATACAAC TTTTACACATTGTCAGCTTGGAAATCGATACTA	AGA	S	32,43	180	AGGACCAGACTGGAC ATTTCA	59,6	CATCACCTCTCTTIG CTCCA	50	47,6	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
286	BrPe3137	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 3037	3	721	732	12	4	9	TCCTTTGATTCTGAAGGTTGCTGGAGGTTGAGGTAATGTTGAATATT GGTTATGGTTGGTTAAGAGTGGAGGAGAGGGCTTCATGTATAAGTTTT CATGCATAGCCATGCAAATTCATCTTTTGATCATTTTGTGTTTATTAG GGTTTGCATGTTGTTGTTGTAGGAGGTTTCTCTCGGTCA	TGT	G	43,36	168	GGTTGCTGGAGGTTG AGGTA	60,1	TGACCAGAAGAAAC ACCTCCT	58,8	55	47,6	
287	BrPe3138	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 3217	3	6580	6594	15	5	12	ATCAAACCTGCAGTGCTCAAACATAGTACAATTGCAGGTAATGCT AAACCAAAATGTAGTATCAGATAAACCCAGAACACCCCTGCACAAAC AGATCCCAGGACAGACCGTCCATCATTACAAAAGACAGAATAAAAC AGTTCAAAAGGGAAGAAGAAGAAGAAAAATCGAACTTGCACAA CACAAGCACTAAAACGAAACCCCAATATTGCAAAAACGAAAAAAG AGAATGAACGAGACACCGGTAGCAAAAAGAAACCACGAGAGTTAAA AAAACAGACCCACCGTGTCAAAGACATGAACTTGGTTGGT	GAA	S	16,67	180	ACCCAGAACACCCTG ACAAA	60,4	GCTACCGGTGTCTC GTTTCAT	60,1	50	55	
288	BrPe3139	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 3352	3	596	610	15	5	12	AGACTAGCTTCTGAAGATTCCACACCAGCTAGCCAACATCAAGAGA AACAAATGAACACAATATGCAATTCCACACAACACATAAATCAAC TAAAGAGGAGCAAAGAGACATGCATGAACACCACCTACCTCCTTCT TCATTTCTCTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCT GATGCCCTAGCTCTTCTGTTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCT ATATTTCTCTTTATTTATGCAATGAAAGAAAAATAATAAAAAAGT GGGATGATTTGGGTCAAAAG	TCT	G	47,14	184	CACCAGCTAGCCAAC ATCAA	59,9	CAGAAAGAGCTAG GGCATC	59	50	55	
289	BrPe3140	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 3729	3	6745	6756	12	4	9	TCTCTCTACTGCTTGTGAGAACGAGGTCCATTATGGGAAATG TATCTTTAGGTGGATCAATAATGCCAGAAGAGATTCGTTTCAGAATC GTTGTGACCCCAATACCTTCATCTGCAGTCGCAGAACTGAAAGTGAC CACCTTTTGTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCT TTCTAAGCATGACTGTATGCAGAACTTGAAGCCAATAAGTTCTGCAA CCTGTGAAACAGATTATGCAAGGGTTTCATTTATGCTAAAAAATTGT TCCCTTCAGATACATTGAAAGCTTAAAAG	TTC	G	30,33	179	CCTCACTGCTGTGA GAACG	59,6	AGAAGCAGTTCAT GGGTTG	60,1	55	50	
290	BrPe3141	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 3783	3	4373	4384	12	4	9	TCGAAAACCCAGAAACGAAAACACAGAGAAGCTCACCAGAAAAC ACTGAAAATTTGATCCAATCTCCAGGACAAAATTAACCCTAGAC ATTAGATATGATAGAAGTCTCAATCTGTGAAGGGTTGATCTTGAAC CTGTAGACAAGTTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCT CAATATTTTACCAGCTCAGAACTTTGAAGCTGCTAGACACCCTG GTGCATCAGTTGAGGTCATTTTCGTTGGTTTTTGTATGATTATCGTAT ATGCATCCTTAGCATCAGGAACAAACTCAGCA	TTC	G	18,01	187	TGTGAAGGGTTGAT CTTGA	59,1	TGTTCTGATGCTAA GGATGC	60,2	45	47,6	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
291	BrPe3142	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 4634	3	271	285	15	5	12	CTTTTGCCTTGTATACATAGACACGTAGAGGGTAGTAACATGCTT CGGTCTGAGGATCTTATTGATTGAAATCAGACAAATAGAACA GAAAAAAGTGAATCTTCAAAGGTCCAAGAAGAAGTGGCATCCACCA AGAAGTATGTTTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTGTTGAGTGT TGATATTACTAACTAAACACATTGACAATGGTAGCCACCTTCTTCTCAC AACAAATGGTCGATGGGGTCTCCTGATATCTACAGAACTGGATGGT TTTTGCTGTTTTGGTGATCATCTCGTGTACATA	TTC	G	18,01	182	TGGCATCCACCAAGA AGTATG	60,9	CACGAGATGATCAC CAAAAACA	59,6	47,6	42,9	
292	BrPe3143	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 4688	3	1426	1437	12	4	9	CATCTGAAAGGCCAGGACAGAGCGTTTACAGACTTGGGGCTTGTAG CTTTTGGTTGCGTACCAGAGGCTTGGAGGCTCGGAGCAGTTCGCTC TTGGTGAACCGGACTGGACTGGGACAAAAGGTGGTTTTTGGGTCAA CTTAAGGAAATATTATTATCAGATTATTTGCCCTGGCAATTTT TTAATCTCAATTTGCTTTTCTTATAAATGTATACAAATATTATA AAATATCTTATTTTATTTTAAAAATAAATTATAATTATGACAAT TCTATTTAAAAAGAAAAATAAATGG	TAT	S	12,65	101	AAAAGGTGGTTTTG GGTCA	59,3	CAATTTATAAGGAA AAGACAAATTGA	57,2	40	23	
293	BrPe3144	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 5276	3	897	908	12	4	9	ATGAAGAAGATGACGAGGATGAAGTAAGATTACATAACCATAACCAT AACCTTCTGGGAAAAGAAAAAAGTTTTCCGTTTTCTCACTTGT CTAACGGACTAATAAAATTGCTTCTGACGTTCTTTCCCTGCAGAT AACAGTGAAGGAAGAAGAAGAAATGGTTGATTCTGCAGATATATT GCTCACATCAGCGGTGTTAACTCCTTCAAATGCAATTAATCTATCCA CTCCTGGATTTAGTGAAACGTCTTACAATTTTGAAGGGTCCAATAT CTGCCAGGATGGTCTGTCCGGTCTAGTCAAA	GAA	S	14,6	164	CGTCTTTCCCTGCA GATA	60,2	GGCAGATATTGGAC CCTTCA	59,9	50	50	
294	BrPe3145	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 5298	3	661	684	24	8	21	GTAAGATTGTCGTGTCTAACACAGTGATTTTCTTCTTTTTCC AATATTTTATCGGAACAGTGCATCTTTGGCATCCTTAACAAGAGAAA CTGGACCAAGGTGTGAAAGGAGACCCAGCGAACAAGATCCAGCC CACCAATGTTTCATCATCATCATCATCATCATCATCATCATCATCAT CCATCAGCGTCAGTGACAGCTCCCTCAAGTTCACATCATGTGCTCTAT AACCTCTCTCTGCAGGTTAATATTTTCTTAAATTTCAAATGAACA AATATGTGACTTTGGTATCAAGAAAATGACCAGAAAAAAG	TCA	G	14,4	157	AGTGCATCTTTGGCA TCCTT	59,7	TGAACCTGAGGGAG CTGTCA	59,5	45	50	
295	BrPe3146	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 5397	3	3000	3011	12	4	9	TGTCAGCCCGCAACTCCAGACTTGGTCCCCGATGCTTGCAAAT GCCTTTAGACAGCGTGCAGCAGCTATTCTGACGACCGATGATTTATC CCGACACCAAGCGGGTATAAGACGAAATGCCTCAGTATATGCT GAGCCATTAGCACACCACACAGCCTCCAGAGCCTTTTGAAGCA TAAGCAGGGCCTCTTGTCTCAAAAATCCTGGAATTCGATGCCAAAT GACATCATTTAAAAATAAATGAAAAATCGAGAAACGCGATGATGAA AAGAAAAACCATCCCGCAACTCCGTTAAAAAGA	CAC	S	17,78	197	ACACCAAAGCGGGT ATAAG	60,0	CGGGATGGTTTTCTT TTTCA	59,9	50	40	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
296	BrPe3147	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 5576	3	1527	1541	15	5	12	AAACAGAGTATTAGCGAGTTAATGAGTCAATTACCAACCTTGTA CACCATAATTACCAGCAGAAGGGTCTCATATGGGATGATTGATTTA ACTTTCTGGGCTTCATAAGTGAGTGATGTAGGTAGTAAGTAGTAT ATTGCTATTTTATTATTATTATTACAGTGTATGGTTGAGGGTACAA AGCTTCAAGTGTGGGTGTCCCTGTTTTGCTGGTGTGCCAGTCC CCACTAATCCCTCCGGTGAATAAACTTCTCAGAATTGATTTCTTCT GCAGGCCACTCACCATGTTGTCTCTCTAAT	TTA	S	17,72	202	TTACCAGCAGAAGGG TCTCA	58,4	TTCACCGGAAGGGA TTAGTG	59,9	50	50	
297	BrPe3148	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 5741	3	2424	2435	12	4	9	TAACCTTATGTGTCAGTACAATAAACTTCTCAGCTGTTGTCAATA CCTTCATGGATAAACTGCAATCTGGAGGGGAATGGCATGGATTTGT ATAATGATGATTTTCATCAGTTTCATCGGTGCAAAATGGACGTTTATGAA ACCTCCATTCATGATGATGATGAAAAATATCTTCCAAAAGTGAGG AAATTTTAGTCGCTTCTTCTCATCTGACAAATACTCATATCCGTTT TATGTTCACTGGAACTGTTGCTAATTGCTGGAATTGATGCAGGT TTTATTTACCCTGCATCATGCCAACTTACTG	ATG	G	18,11	174	CATCAGTTTCATCGGT CGAA	59,6	CCTGCATCAATTCC AGACAA	59,6	45	45	
298	BrPe3149	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 5801	3	2846	2857	12	4	9	ACAATGCCTGAGATAAAATTTAAAGGCACTATGGCAATCTCCAAAA TTCTGAGATTTTTATGATCTTATAGGCACTCCAGGAGGGATAGAT ATTAGGCCAAATGCTAGAGCAATTTTCTCGCTGTGCTCCCAACTTC AGTTATTTCTCTTCTTCTTAAATCAAATAGTCATAGTTGGTGT AGGAATGTACCCGGCCGCTTCAATTCGTCTCATCTTGACCAGCA TTGCTTGAATCTCACTGTTCTTTCATGTGATGCATCTTTGCTCGGA AAACATGGACCCTATCCTTTACAGTGAGC	TCT	G	17,4	177	AGCAATTTTCTCGCTG TGCT	60,2	GTTTTCCGAGCAAA AGATGC	59,8	45	45	
299	BrPe3150	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 6297	3	416	427	12	4	9	GTTTCAATGATTGCAATTGCCAGGTAAGTTTTAGAGTGATTCTTG AAGGCATGGAGCCGGTGGTATGGTTTCATGCATATTTATGCATGTTG GTATTTTCCATTTTGTGATGTGTGACTGTGGCTGTTGGTGT TTAGGTAGTGTGTTGTTGCCAGAATCCTTCTCCTAGTGCACAAGA GGAGCAAAATCAGGTGAGGATGCTTTCATATTTGCTTGAATTGGTT TTTGTTTTAAATTGATTTTATGTGAATTTGATTTAAAAGCATGGCA TGTTGATTGAAAATGTGATTGAATGATC	TGT	G	67,77	199	ATTTGCATTGCCAG GTAAG	60,0	CCTCACCTGATTTTG CTCCT	59,3	45	50	
300	BrPe3151	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 6606	3	3005	3016	12	4	9	CCGCACAAATTACGTACCTTCTCCCGCTGGACACGTTTTGGAGTTCC TAAATTTGTCAGATCAGGCAATCTGGCATTAGACAAGGTGATCACT GAATTTATTTCCGCATGGTTTTTCTACACCCACTCGTATAAAATAT ATGCCTCCAGATGATGATGATCCAGCAAAGGACTGACTTTAATAT GGCAAAGCTGAAGTATGAACCTGTGTATAGCCGGGGCAAGCAGATC TATACTTTTGAATGCAAGCGTATAGTCTTGATCTTGTACCAGGG CCTTGACCTCATATACCAAGGCTATCTTG	GAT	G	16,8	235	TGTCAGATCAGGCAA TCTGG	59,8	GTCAAGCCCTGGT AAACAA	60	50	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
301	BrPe3152	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 7044	3	11172	11183	12	4	9	CTATAAGTCGCAAGAATATATTGAAGCAATAAAAAATCGATAGGC TTGACAGGTAATTAATGAGACGCAAAATATTGACTCACGTAATAAGC AGCAGAATCCATGGTCCCATAATTGACAACAGTATTATCATCATTTG CAAGCACTGTTTCATCATCATCAGAATCCCTGCACTCTCGAAAGCA TTTGCACTTGGTGATCGGGGAGTCATTAGTCTTCTCGTAATAGAAGT AGAGTAGTTCACACTCTTATCTCTCTGCCCCAAAACAAGAAGAA AAAGAAAAGCCAGCAACGAAATTGAAGTTCAGT	TCA	G	18,88	186	AAGCAGCAGAATCCA TGGTC	60,2	CTTTGTTTTGGGCAG GAGAG	59,8	50	50	
302	BrPe3153	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 7138	3	9031	9042	12	4	9	GCAACAGTGAGATGGATGATCCAGAAGCAGAGAGACCAGAATG AGAGAGAACCACATCATTTGGGGAGCAGGAACTCTATTACTCAAC TTCCCTTGATGAGCCAAGCTTTCATATTCTCCTTACCTTCCCCTGT TCTTGAAGAACCTTCTTCTTTTCTGAGGGTGAGATTGTCGTGAT CTTAGAAGCCTGGCCTAGTTTTCTCCAAGTGAATCCAGTTTTCCATT GTTATTGATCTTCAATTTCTACATATTATGATATGCAGCTGCAGATGA TGATCCACTGCCGCCATAGAGGGCTCCAA	CTT	G	19,01	172	ATTGGGGAGCAGGAA ACTCT	60,1	TGGAAAAGTGGATT CACTTG	60	50	42,9	
303	BrPe3154	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 7138	3	2841	2852	12	4	9	TATATGCGGCTGGTAGGIGTAACTCTCTTTCCAAATTTATCTTACA TCGAGGTCCTGTGCTTCTAGCATTTTGGATCTAATTTTATTCTIG TATGGAATTTGCTTCTGCAACTTAATAGACCTCTTGGCAACAGGC TTTTGATCAACAACAAGATCTGGTAGACGCCGATCCAAAGCT CTCTCATAACAGCAGGACATAATTGAGGAAAACATACGTCTTACAT ATGAATTACAGGCAAGTACCATATGTGGTTGGTTTTTATCTCTTTTG GTTGTGAATTTGCATTCTTTATATTAAGT	CAA	S	19,01	203	ATGCGGCTGGTAGGT GTAAC	60,0	TCCTGCCTGTATGA GAGAGC	58,1	55	55	
304	BrPe3155	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 7174	3	2112	2123	12	4	9	TGCAAGATGTCAGTGGATATGCCGAGTTTTTTTGGTCTGGTCTCTCG GAACCCAGCCAAGATCTTCAAACACACCGTTTCTAAGTCTTATAC AGATGGTTGTTTCATCTCCTCTGAAAAATTTACTGCTGATGCATCCC CTACTATCCGAAGAAGAAGACGTTTGTGATGCCAGGACGGAATTACT AGTAAATACAAGATATGAAGTTATAGAAACTAGTTACAATCATCCA TTCTCCTCATTTATAAAGCGTAATGTCTTTTTCACCTGACTTAAGC ATACCATAAATTGTATAGATATGATGTGCCA	GAA	G	17,38	179	TGTCAGTGGATATGC CGAGT	59,1	GTAATCCGCTCTG GCATCA	60,9	50	50	
305	BrPe3156	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 7388	3	2045	2056	12	4	9	GCTGGTIGATTTGGATTTTGATTTGTAGTTTTCTCTGGCTCAAGGTGG AGCTTCCGAAAAAATCCACAGTTAAGTAGCTAGATTCCATATCCAC AAGCCGTAATAACTGTTTTCCGACTTTCATCACGGAATCTCTCCAGAG CTTCATTTGCAGCAGCAATGTCCGGCAGTAAGAGTTGGAAAGCG CTTTAGTCTCTGCAATTGCCAGAAAAATAAAAAGGAACAAGTGAA CTAGCTTATTTTTCATCTTTGGCATCTAGTCTTTTATGACCACAAC AATACAAGAGACATCTTGTAGATCTCAA	GCA	G	40,5	161	CTTCCGAAAAAATTC CACAG	59,5	TCTGGCAATTGCAG GAACTA	59,4	45	45	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
306	BrPe3157	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_2 7834	3	1580	1591	12	4	9	ACGTGTGCGGACATGCCGTTTCAGGAGTCTTGACATTTGCATACCTGATTAGCGATCAGGAACTTGCAATAAGTAATTTAAAAATAAGAAAGAACAATAAATCAGAAAGTTTAGATAATTACTTTGGATCCAAACGGTACTGGTCTCTTTATCATCATCATCTCTTGATCCGTTGATACTCACTTGTGTGCTAGTCTCTTCCGCTTTCATTTTTTGCACAAGCTTTGATTGATAATCTATATCCTTCCTTTCAGCCTTCATTGCGTTTGGATGCTGATCTTGATTACCCCTTAATTCAGCAACT	ATC	G	18,29	185	GACATGCCGTTTCAGGAGTCTTGACATTTGCATACCTGATTAGCGATCAGGAACTTGCAATAAGTAATTTAAAAATAAGAAAGAACAATAAATCAGAAAGTTTAGATAATTACTTTGGATCCAAACGGTACTGGTCTCTTTATCATCATCATCTCTTGATCCGTTGATACTCACTTGTGTGCTAGTCTCTTCCGCTTTCATTTTTTGCACAAGCTTTGATTGATAATCTATATCCTTCCTTTCAGCCTTCATTGCGTTTGGATGCTGATCTTGATTACCCCTTAATTCAGCAACT	60,3	GCACAACAAGTGAAATCAACG	59,7	55	43,5	
307	BrPe3158	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_2 7966	3	1416	1427	12	4	9	TTCTTCTGTGTTCGGTGTGTAAGTTTTCACCCACCATTGCTGGACTGTTCATGGTGTGTAACTGAGTCCCATTTGTTTATATTTCCAAGTGGTATCCAGTCGCAGCTTATTACACCTCGTGTGTAACAGACAAGAAGAAGTTAAAGGAGATTGGAACCTGCTATTTGAAAAACATTTTCATAGTTCTCGTTGAATTCAGTAGATCAAGAAAGCTTTACTGTCTCCCTTGTAAATGAAAAACCTCTATAAACTATTACATCAGGCACAGAATCATAAACGTGCGAAA	AAG	G	16,69	105	CCCATTGTTTATATTTCCAAGT	59,9	GCAGTTTCCAATCTCTTTT	58,2	32	45	
308	BrPe3159	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_2 8050	3	2866	2877	12	4	9	TTAATCCATATATCTGTGAGAGAAGAAAAGAATACCTTTAGCAAATCAAAGACCTCTCAGCAATGATTTTTGTTGAAGTTGGCACCTTTTGTGACATTTATCAGGATGGATGCATAAAGTTGCTTCTATAAACCTTTAACAGCAGCAGTGCATCAAACTAGTTAAGGAAACAGCTGCCAACCCACATCTGGCCAGAGTACCTGATCATAAGTCAATAGAACTTAGCATCAGGGACAGGGAGCGTAAACAGTAATGCCTTCCCATACATGTTACGGAGCTTATTATATAATAGGTAA	CAG	G	17,29	151	GCAAATCAAAGACCTTCTCAGC	60,4	TGGCAGCCTGTTCCTAAC	60,2	45,5	50	
309	BrPe3160	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_2 8317	3	421	432	12	4	9	TGAAGATGTTAAGCTCGTTTATGTTGAGCATTTACTGCTGCTGGCAATGTGTGGTTTTGATGTATCTCGTTGGAACATTATTATATTAAGGTTAAAGAATGGCTTCAAATCTAGGAATAGGAGATCATGCACCGATTGTGCACGATGATGATCCAGATGACGAGACCATTCCCTTGCAATGAGGAACTGCAAAAAATAGGTGAAAACTAGTACATTGTTACCGAATTTCAACATTATCAATCCCTTATCTCCGCTTTCTATATTGTTCTTATATATGGGTTCTTTGTGCAGGGA	GAT	G	17,9	154	TTTACTGTGCTTGGCAATG	60,0	CAAGGGAATGGTCTCGTCAT	59,9	45	50	
310	BrPe3161	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_2 8704	3	1084	1095	12	4	9	AATAGTTGCAAAGCTGATGGAGATAAGGAATCATGTGGTAGAAAGTTCCAAGCTCATTTTAGTAGGAAAGAGACGGGGTGTCTCTTTGATGGTCTCAGCTTACTAAATTGAAGGTAGAAGAAAGGGAGATGCTTGAGGCTCCTTTTGTATGATGATGAAATTAAGAAGCAGTGAATATTGTGGGAGTTTCAAAGCACCGAGACCGGATGGATTAAATTTAACTTACAAAAAGGCATGGGAGGTGATTGGGGATGAGGTCATTGCTTTGTTAAGGAGTTCTTAAATCCGGTGCAACAAGAT	TGA	G	21,97	201	AGACGGGGTGGTTCTCTTTT	60,0	CAATGACCTCATCCCAATC	60,1	50	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
311	BrPe3162	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 9121	3	1157	1168	12	4	9	CAGACATGTATAGTTGGCTTGGTTAAGGGGTAAGGGGACTGTGAAGCAGGGAA CGAGGAAATGGCAACAAGGTTTTTCTTGAATCAGTTGAGAAGAGG TACATCATCACTGCCGAGAGCTTTTCGACTCTTGTCTACCAATTATG TGAAAAGGGCAAAGAAGAAGAGCTGAGAAAATATTTGAGAACAT GAGTAGGAGATGCCCTGTATTGGATTTAAACAGTACCAGGAGGGTT CTAGATGGAGCAATTATGCATACATCTGCAGAAAAGATCCAAAGGCA GTCAGTATATCGAGTAGCATCGACTAAAGGAGAACG	AAG	G	15,48	182	ATCATCACTGCCGAG AGCTT	60,0	CTGCCTTGGATCTT TCTGC	60	50	50	
312	BrPe3163	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 9359	3	2956	2967	12	4	9	TCATATACACCTGTTATCTATATTTCTTGCAGAAATTTGGCATCTTTG TATGAAGAGAAAAGCAGTCCCTCTAATTAAGGAATTTTCAGTAATT ACCAGTCCTGGAATGTCTACATAATTCACAATGAATCACTCTATA CGCTCATCTTCTCTCTCCAACCAAAAATAGAATGTCTGCAACCA AAAAGATTCTACCAAAAAAAGATTCTAATCACAAGCTTGAATAT ATTAATTAATACCAGCTGCACTATTATAAAAATCTGTTGCAAGTCAT AGATCATCCAGACGGAAAAAGCAAAAATGTTT	TCC	S	16,92	159	TGCAGAAATTTGGCAT CTTTG	59,8	GGTTCAGACATTC TATTTTTGG	59,9	40	39,1	
313	BrPe3164	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 9520	3	456	467	12	4	9	GGGAAGCTAACATTTTTTTTTTAAAAAAGAAAGAAAATAACA TGTGTGGGAGATAACCTATCTATCCATCCAAATGGTTAGATATGCTA TAACCTAGAAGCGTGTCAAGGTAATAGGGTCGTTCCACAATCAGA CTTCAGCAGGTTGTTGTTGATAGTGAACGTGATCGATTATCG GCCTAGCATTCTGTGTTTTGTTTTTCGGCATTCAAACGTTTATCCA ATGGTCAACATCAAGTGTCCACTCAAACATTTTTTAAGGAATAAAA AAGAGATGAGTAATTTGCATTTTAGATAAA	TTG	S	14,56	154	GAAGAAAATAACATG TGTTGGGAGA	59,4	CCGATAATCGATCA CGTTCC	60,3	37,5	50	
314	BrPe3165	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 9677	3	4576	4587	12	4	9	CGTCTTGGCGTCTCTGCACAAATGGCAATATAACGCCATATTAGA ACCAGGAACAATGATTTGACTGAATAAATATACCGCACCTTTTCAAT AGCAATTTTCTTTTGGTTTCTTCTCTAATTCAGCATCATCAAGGAT CCTCCGAATCTTCTTCTCTGCTGCTTCTCTTAAAGCTGATTTGGAA AAAAATGGAGGGGCAAATTTTCAGAATGATGACAAAGAAACAGAT ACCACAACAATCTTCAAGAGGAATGTTGTCATGTAGGAAATTTTT TTGTAGAACGAACTGTAAAGAGGCCATAG	TCT	G	18,57	176	TTCTGCACAAATGG CAATA	60,1	CAAATCAGCTTTAA GAGAAAGCA	58	40	34,8	
315	BrPe3166	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 0504	3	369	380	12	4	9	CGATGTTTACACATGCACATGCATACTTCTCACTAATCGACAAAAC TTAAACCATCTTACAGATAATAACATGTTAACGTGAGCACAATCTCC AGCCCAACAGCTAAAGCCAGTTGATGACGACATTGAACCTCAATCA GATCCCAATATTCTTCTTCTCACCTTTTCGTGACAATGCCCCCTTG TTCACTGTTAGTAAATGAATTATGG	TTC	G	11,34	154	TCACTAATCGACAAA ACTTAAACCA	59,2	GGGGACATTGTCAC GAAAAG	60,4	32	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C		Sequência Reverse	T °C		% GC Fwd	% GC Rev	P/M
															Fwd	Rev		Rev	Rev			
316	BrPe3167	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_3 1210	3	1320	1331	12	4	9	AGACTTCGTTGTAGATCGCAGACGAGTGAAACGTGAGTATGATGAG TTCAAAGTAAGTCTCAATGGGCTCTCCGATTCAATTCGTCGGCGTTC GGATGCTTATAATAGTCAGCAGGAACCTCAAGCAATGAAGAATCTA AGAGAGAAGGGTGATGATGATGAGCCAATGGAAAGATTGAAGATC CCAAAAGCCACTTGGATGTCTAATGGAACCCAATGGCCTGGTACT GGACAGTCCAGCACCTGAGCACACTAGAGGAGATCAITCAAGCAT AATACAGGTTATTAGATACATACTAGTTCCTTTACA	TGA	G	12,23	179	GCAGACGAGTGAAAC GTGAG	59,6	AGTGGCTTTTGGGA TCTTCA	59,7	55	45			
317	BrPe3168	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_3 1579	3	358	375	18	6	15	CAAACCTATGAAGGCAACCAAATTGGTGTCATTGTTTCAAAGGAA ACCAATCTTCCTCTTCAGAAAGTTGATATTGAATCTCTACTCGGA ACAAGATGAACCGGATGAAATGACTGTTTTGGCCTTAATTTGTCCT CATCTGAGACTGATGATGATGATGAAGAGAATGATGACAAGGC TGAAACACATACAAATGAAGAGTATTTCCCATACCTCAGGTGCAA CGGTCCTCAAATTTACCAACCTCAGTCTCTTTCAGATATTGCC GGATAAGTATGAGAGACCAATCCAAGTAATGGATTCTT	TGA	G	23,49	156	GGAACAAGATGAACC GGATG	60,3	AAATTTGGAGACCG TTGCAC	60	50	45			
318	BrPe3169	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_3 1839	3	1192	1203	12	4	9	AAGCTGCAGTAGCAGAAGCTGCTGAAGATGAGGATCTTGCTTTTT CTGAAGCCTGATGATATTTGGCCCGTGAATTCGACGGAAAGTACT GTTTCTGGATGTCTATTATTGCTTTTTAAAGCTGCAATAATTTAACT TATTCGTATAATAATAATATTCATCATTGTTCTATTCATATCTATC GTTCCAGATTAGATGCGTTGATCCTACTCTAGATATGGAAGCTGACC AAGGCGATGATTATACACATCTTCCAGTAAGTTGAATAGTATCATT TGATGTTAGACTGTGAAGCATGTCTTT	ATA	S	16,17	193	ATGATATTTGGCCC GTGAA	60,2	TAATCATCGCCTTG GTCAGC	61,1	40	50			
319	BrPe3170	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_3 1879	3	1201	1221	21	7	18	TAGTTGCAAAACCAAAAATTATCAGACCATGTGACAATTATAACT TACGAATCATCTGTTCATCAACCTAATTCAAAAGGAATTCAAAGTTA GAAAGACACAACATCAGAAGGAAATTCATGTACGCACCATTCAAAG GCATGCGAACTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCACTGAAAAAGAATTG GCCATCAATCAGTTAGATCGTATCATGTGGCATGTGTGATCAACAA CCCGACATTTCTGGTAGAAAATGAATAGATCTTTACCTGCCTCACCAG AAGCAAGTTTCTGCTGCACTTCTTCTCAACCAAGAGGAGC	TTC	G	16,01	198	GGAATTCATGTACG CACCA	59,4	TGAGGAAGAAGTGC AGCAGA	59,9	45	50			
320	BrPe3171	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_3 1889	3	2061	2072	12	4	9	TCTCACTTTTATGGTTTGTAGGTGCTCCTATGCATTATTTACTCAA AGTGCCCATGATTAGTTTTGAATTAATAATAGCGCAGAGCTATCTGTC GAAACTGAAAATCTGATTGGTCTTAGTGGATTTGTCACATAGTTC ACAATGTATTCTTCTTCTTAATTTCTGGCAGAGTCTCCGGATTCT GTACTTCTTCCAATGGTTTTAAGTCTTCAAGATCGAAAATCACT ACTGCGACTAATAATATATTCTTATTGTTTTAGTTGGTAGAACTCAA GTGTAAGCGGTCATGTAATGTGAAAT	TTC	G	14,79	221	CGCAGAGCTATCTGT CGAAAC	60,2	CATGGACCCTTAC ACTTGA	50,7	52,4	50			

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
321	BrPe3172	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 2287	3	1207	1218	12	4	9	AGAATTCACCAACGAAGAAGTGCACGCCCTTAACTGATAAATTGC GCTTCTCTAGCCAGACCTTGCAAGCATTTCATGGGCAACCCAGTTAGT TTCATTATGTCTCGGAGACCTTCCTTTTTATGCTTATCTACAAAACT TGTAAGAACTGAAGAAGAAGAATGCACAAGACCTTGCTCTGACTTGT CCAGGTTAGATTTTTAATAGTTATTTTCATTCCATCATTAGTCTAC AGCACATGCTAAAGAACCTTTCAGCTTTATTTGTAGACATTTTGCTA TTGCTTTGTGAGGTTATGATTTGGTTCTA	GAA	G	15,43	175	GTGCACGCCCTTAA CTGAT	60,1	AACCTGGACAAGTC AGAGCAA	59,9	50	47,6	
322	BrPe3173	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 2429	3	1518	1529	12	4	9	GCTGCCACTGCTGTAGTCCCACAGAGGTTACGCAAGGGTGACTCAA TTCTAAAACCTTGGCCGATCAGGAGGGAGAAAGGAGGCATCTAGTGG GCTAGACTCCTCACTTTTGGAGACCAATGTCAACACAGCAATGCTG AATCAAGTTTCGGATGATGATGATGATTCTTGATCTCCGTTATTGA TGAAGGTTCTACTTCAGCTAAGAAAATCTGGTGGCTTTATCCCGTCAC TTCTTTGGCTCCAAGAATGGATTGCAGAAAACTTTAAAGCAGGC AGATGATTTGTCAAGTTTGGCACTGATTCTCT	GAT	G	13,63	200	ACGCAAGGGTGACTC AATTC	60,1	ACGGGATAAAGCCA CCAGAT	60,7	50	50	
323	BrPe3174	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 2463	3	197	211	15	5	12	CAAAGCCTATTCTCCTTGGGAAAAATTACTCGAGGCAAGAGAAAATA CAAGAAGCGGAAGAATCTGCAGGACACAGAGATGTTAAAAATTGT GATCTCTTGGAGTGGTGGGAGAGAAAAAGAAGACAAACGCTTGCA AAAAGAAGGATGTAATAATAATAAAGGGAACACTTTGGTAAAGA GGACAAGGGGGTTACGAGGAGGTTATGAAGTAAATATGGTAG ATTGCTGTTTAGAGTTGTTATCTAAGATCAGATGCAAGAAAAAAA AAAGAAGATATTTACTCTTTTATCGGGATCATTCTGCG	TAA	G	17,29	186	AACGCTTGCAAAAAG AAGGA	60,0	GCAGAAATGATCCCC GATAAA	59,9	40	45	
324	BrPe3175	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 2479	3	1032	1043	12	4	9	ACATCCATGGTGGTTGAATGGTTTTATTGCTATGTTCTCAGTTTCT TATGTGTATAATGTAGGTGTCCTTAAGTTTCCGTTGTGACTTTGACAT AGAGCAGAAATTCAGACTTGGTCAGTAAAAGTAAAGGTCATTGGT ATTGAGGCTGTGTTGTTGCTTATTTCCTTCTCTTGTCTTTCTTC AGTGTAACTCAGTCCCGAAGTACTTTCTGGCAGCATGAATTAGTG GCTAGAAATTACACTTTTTGGTCCACCGAAAGTTGTTGGGAAGAAG GATTATGAGTTCTCTGCTCTTAAGATT	TGT	S	20,8	184	ATCCATGGTGGTTGA ATGGT	59,9	AAGAGCAAAGGAA GGGGAAA	60,2	45	45	
325	BrPe3176	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 2698	3	232	243	12	4	9	TAACGACTTTGGTATGCCTTGTCTACATTTAAAGATCATCCCTTAT GAAAGGAAGACAAGAGGATCGATGGTTAGGTGATTCTCCCAT ACAGGATGGCTTAACTGAACAGCGATGGTTCTTAAATAGCTTTTC CGGAAAAGCAGGAGGAGGAGGCTTGTCCGTGACCAGAAAGGTAG ATGGATCCTTGGATTTGCAAAGCAGCTAGACTGTAATCCAGTTGGG AGGTTGAGATCTGGAGCATTAAACGAAGGACTGCAGATTGCCATTAA TAATAGCTGGAATCTATTGTTGGAGTCAGA	AGG	G	18,55	210	TCGATGGTTAGGTG GATTC	59,8	ATGGCAATCTGCAG TCCTTC	60,2	50	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
326	BrPe3177	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_3 2725	3	249	260	12	4	9	TTTGGCCAATTCTCTTGGCCACCACCGGGTACATCTTGCCTTATCCT TATTTTTTATCACCTTACCTTATGTAAAAGAAAAAACAAAACA AAAGAAAGAAAAGAAGAGGGAGGCTTCGGGAGAAGAGTGGCGCAA GGAGAAGGGGGGAAGAAGAAGAAGAAGAGAGAAAAGAGGAAGAAG GTAGGTTGGTGAAGGGTTTTGTGTTGGTTTTGAAGTGAAGAAAAGA GTTTCATGCATGGATTCATACATGTACATGCATATCCTCATGTTTTGT GTATTTGATCTGTGATGCTTGTGTCATGT	GAA	G	378,78	197	GAGGCTTCGGGAGAA GAGTG	61,4	CATGCACAACAAGA CATCACA	59,2	60	42,9	
327	BrPe3178	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_3 3178	3	4059	4070	12	4	9	TTTGATACAAGAGGCAGAGAGAAAAAGTGCAGGAAAAGAATC TTCGAGAAAAATCAAAGCATCCACACTCCCGAGAAGATGTTGAT GCACCTTTGCAAAGTGAATTGTGCGTGTTTTTGAGCAACCGGGCAT AGAAGCTCCTAGTGTATGATGACTTTATTGAGTTAGGTCAAAG AGGCAAATGCTGAATGATCGGCGTGAACAGAGAGAAAAGAAAATC AAGGCAAAGTCTCGGATCCCAAAGTTCTATCATACTCTCATCGAA ATTATTTCTGTGCTTTCCCAATTATGCAAAAATAGCA	TGA	G	14,38	200	ATCAAAGCATCCAC ACTCC	59,9	AACCTTTGGGATCC GAGACT	59,9	50	50	
328	BrPe3179	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_3 3182	3	2437	2448	18	6	15	AAAGATGGGGTCCAAGTTGATTCATCACTTCTTTTTCCGTCTCTT TCTTTATCCCTCTCTTTTCCTTGGAGCTGCTTGAACCACTCAAGATT TGATTATGTGCTTCCCAACATTTCTGACAAAAGCGTAAAAGGCATT TATCTTCTCTTCTTCTTCTCTCTTTATCAACGGACTGCCTTTCT TCTATCTCTCTTCCATTCTTCTTTCATCGATGATCTTCTTAGCTT TTGAAGGGAATATGACCAAATAAATTAGAAATGAAATGAGCCAAC AAACATATAAAAATAAAGTAGTACCT	TCT	G	15,88	194	AAAGATGGGGTCCAA GTTGA	59,4	GAAGAAAGGCAGTC CGTTGA	60,4	45	50	
329	BrPe3180	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_3 3368	3	4351	4362	12	4	9	GCTTCAAGTGGAGATACTAGTTCCTCCAGGATGATCAGAGCTCTTT GCATGGTAGCTCTCAAATTCAGAAAAGTGTGGAAGTTGAATCAGTT GGAGAATTGAGAAGCACTTATCATATGACTGTGCAGAAACATCAG CTAAGCTAAAAAGAAGAAGAAGGAAAAGCATTGGTACATAGAA ATTCTTATGCTTCTGTAGTTACTGATCAGTTGCTTGACGATAGAGTTT GIGATTGATTTCTCCCGTATATTTTTCTTCTCTGGTGTATATGTTGCT TGGTTTTATATGGTTGCAGGGTTTTGCCAAC	AAG	G	17,33	183	TGACTGTGCAGAAAC ATCAGC	60,0	CCCTGCAACCATAT AAAACCA	59,7	47,6	42,9	
330	BrPe3181	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_3 4767	3	227	238	12	4	9	CCAAGCATTGCCAACCGATCTCTGCGCACTAATTGCTCACAACACCC TTCTTTTTACCACCTGCTTTACTTGTGTGATTCATTGATAGTCCG ATCTCCATCTCATCAGTTTCCCGCGGGTAAGCAGCTCTTTATGTA GTCCAGGTCATCATCAACAAGAAGGAAGCCAGAGCCATCAAG ACTGAAACTAGAATGAATGGCGTATCGAAACCAATCTAGCATAG ATAACTCCCGGATGCATAAGGGGAAGATGAGAAGAAGATTGCTC CACCGAAGATAGCCGAGCTCTTGTGTACCA	TCA	G	16,37	167	GCGCACTAATTGCTC ACAAC	59,5	GTCTTGATGGCTCTG GCTTC	60	50	55	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
331	BrPe3182	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 5142	3	380	391	12	4	9	AGAACCAACTGAAAATGAAAACACTTATCAAGATATCATCCTGA AACCAAGTAGAGGTGTGATATATGAAGTAATGTTAATTGTGAATA TAATTGGCATTATTGTCTTAAGAGTGATTTCGGAAGTGATAATTGATT CTATGAAGCTGCAACAACAACAATGCGAATTCACAGGATCTTCTAA AAGATCTGAATGATCTTTACACAGTAAGAGATGAAAAGCATTCTC GTGGACAAGTCCATCAAATGATACATAGCAACCAGAAAATTACCTGA TTTTCTGCAGTCACTCCAATCATCTCAACTTC	CAA	S	16,84	197	CATCCTGAAACCAAG TAGAGGGT	60,0	CCACGAGGAATGCT TTTCAT	60,1	47,8	45	
332	BrPe3183	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 5433	3	2693	2707	15	5	12	GAAGTTGGAAGCTGAGAGGCGAATTATATCCCTGTCCATACCCA TTCTTTATCTGCATGGGCTTCTTATCCAGAAAATCTTATTCATATC TACTTTGCTCTCCGAGAACAAATTTGAGAGTGCTTTTCTGGTCTCTT GCATCAACAGAAGAAGAAGACCTGTCATTGTTTCCAATGCTTC CTTTTTGCTCTTTTTTCTGAATAAATACCATTCTACAGCAGTGGCC TTTTGCACTGCCCTACCGTTTGTCTACTTTGCACCTCAACCTTAAAT TCAACGAAAAGCAAAGCAAGACAGAATAGTC	AGA	G	14,94	231	TGGAAGCTGAGAGGC AGAAT	60,1	GGCCACTGCTGTAG AATGGT	60,1	50	55	
333	BrPe3184	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 5579	3	965	976	12	4	9	AGAAACCATGACAGTTTTAAGAGAGAATAACAAGAAGATTGGGAT CTTGAAAACAGTGACGATTGCTCTAATGACTGTCTATTATGCATAG CAAATACCAAAAACCTCCAAAACATTGGATTTTGAAAAGCAATGGT CTTATCTGGTTTCTCTCTCCTCCGAGGATGAAAATGATGAGGCAAA TGCTAGTTTCTTTGCATATGATGATGATGACGATGATGATAATGTTG GGATCTCGGGTGCAATTTTTTCATCGACCAATGATCTCTCTAATACT TTTCCATCAAAGGAGAAGCAAATGAGGGTAG	TCC	G	15,05	155	TGGATCTGAAAACA GTGACG	58,8	GAAACTAGCATTTG CCTCATCA	59,4	42,9	40,9	
334	BrPe3185	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 5783	3	3953	3964	12	4	9	TTCATCGGTTTTCAATCTCAAATCATGAATCATCGACCTCCGAA TTGCCGACCAAGCTGGTTTTTCATGTTCTGCAATTGCTGTCGATGCT GTTGTGATTTTCGACACCATGCTGCAGTCTAATGTCAGGGAAAACG GCTCCATGTCCACCACCACCATCAAACCCATTCTCTGAAATGGCAC GAAGTTCATCAGTGATCCGTCAATGCTACTTGGAACCTGAAACTCTA CTCTTGACCTCTTCTTGTGATCCACTGATCCGCATCCGGTTGTCTCT CATGTAACAAGAAGAGCTCGTTCTGAG	CCA	G	16,01	176	TTGTGATTTTCGACA CCAT	60,0	ATGCGGATCAGTGG AATCA	60	40	40	
335	BrPe3186	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 6463	3	2796	2807	12	4	9	TCACCCTAAGCATGATGGTCCAAAGGTAATTGATTTACTTCATTCTG AGCAAACCTTTGCTAGATGAATTTTGGGAGAACTTAGGTGAGGTTTA CATATCCTTGTGTGCTTACTTTTGTCTACTGTATTTCAGGTTCCAT TTTTCTCTGAAGAAGAAGAAACACCCAGCACACCAAAAGCAGATGC TTTTTTCATTTCCCGGGAAAATCCAAGAGCTCTGGTCAATTCGTCCCA TGGACCAACGGCCATCAAGGACTAGTGTGGATAAAAACATCTCCATC GAAGGATCCATCAACTTCTCTCCAGTGCAT	GAA	G	16,34	180	AAGCATGATGGTCCA AAGGT	59,4	CATCTGCTTTTGGTG TGCTG	60,4	45	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
336	BrPe3187	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_3 7785	3	211	222	12	4	9	GGAACATTCACCTCTCCTGCTCCGAAATGTTGAGTGATTGTACCTG CCAAATGGTTTTTTGAAGAGACAGAATTTAGAGTAGAACACTTGC GATGATGATTGATTATGTATTACTTACCTATATTCATCGCAGGAGGA ACCGCATACTGAAGAAGAACAATTTGATACAAGGGATCGGGA GGAATGAAACCCACACGATTTGCTCCTTGCCTATGAATAACCCCTAT CACGGCAATACTATATAACGGACTATTACGATCCCCAGAACCAGA GACTTGTGCTTCTGACCCTTGCAACCTATAG	GAA	G	16,01	156	TATTCATCGCAGGAG GAACC	60,0	CTCTGGTTCTGGGG ATCGTA	60,1	50	55	
337	BrPe3188	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_3 8082	3	2074	2085	12	4	9	ACTGAATAGATAAATTTAGTTGAACCAACTTCTTATAATATTCAT ATTTTAGTCAAGTAGAAGTAAATTTATTTGTTGTTAACTTTAACTC TATAAGATAGAAATTTGCTACTAAAAAGTTAGCTTGTCTTTTTGTGT TGTTTAATTATAATAATAATATTAGTTTAACTTAAATTTTCTGT GTTGGAATTATAACTAGAGTTGAGGTTGATGTGAAGTAAATATGTAT ATACTTCTCCTAATGTTTGTGACATTTGGAATTGCTTAATCGTAC ACAATATTCATAATTTAATCTCTTTAA	ATA	S	18,42	163	AAAAGTTAGCTTGTG TTTTTGTGTTG	59,4	GATTAAGCAATTC AAATGTCG	58,6	30,8	36,4	
338	BrPe3189	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_3 8153	3	238	252	15	5	12	TACCAGCTTCGATATCCTCACCGAAATCTTATCGGTTTCTTGCCTG CTAGTTGCGCTGGTGAAGTCTAATCTTAGCTATGGTGCCTGTGCT GGTCTTGGTGACCATGCATAGCGGACCAAAATGCCATGAACGTAT CATAAGCTCCTGGTGGTGGTGGCAATTTGGCTCATGGCCTGAC TCAACTGCTGGTCCCTTTACTAATCCAGCTCTGGCTCATGAGCTAG CTCAATCAAAACTTGTGAAGGATGTCTCAGGTCCTTCACTCGATT GCTGCTAGCCATAGACATCTCATCTCTAACTGC	TGG	G	98,83	226	CCAGCTTCGATATCC TCACC	59,7	CATGAGCCAAGAGC TGGATT	60,4	55	50	
339	BrPe3190	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_3 8227	3	1312	1323	12	4	9	GGATCTCAACGGATACCTCAGCTTCGACTTCCCAACCCACCTATTG TCCATAAAGGCATAACTCATACGAAAACATAAAAAACAGAACAC AGGAAACGTTAACACAGAAAGCTAAGCATATTATTTACCAGAAGC AACAACTGCTGGCTGCTGCTCTTTACAGCTATCTCCATGATAC CTGCTTTTTGAAGGCAGT	GCT	G	15,57	158	GACTTCCCAACCCA CCTAT	60,1	TCATGGAAGATAGC GTGAAAG	58	55	42,9	
340	BrPe3191	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_3 8484	3	267	278	12	4	9	GAGGCTATTGAGGGATAGCAGTAGAGGTGAGGGTAAAGGGGAGGC TAAAGGTGAGGATGAGGAGTTCACATCTGGCTCAGAAGGGTTTTTC AAGCGGTTGTTTCGTGATGGAAGAGTAACGTTGATGAAAAATCAA TTTTGAAATCTCTGAGGAGGAGGAAAAAGAGGGTTCTTTAAAAA ATTATTTAAGGATAAGTCTGACGACAAAAGAGATGGGAGTCTTAGG AATTCAGTTGAAGAAAATTTCAAGATCTGTTGAGGATGATGATA GAGAGGGCTTTTTCCGCAAACTGTTCAAGGATAAATC	GGA	G	16,28	153	CATCTGGCTCAGAAG GGTTT	59,3	TCCCATCTCTTTTGT CGTCAG	60,2	50	47,6	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
341	BrPe3192	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 9256	3	849	860	12	4	9	CAGCAAGAAACAGCGACATATATTCTGTACAAGGATAAACGAGATG GTGGTCTTATTTAGTGAGACAAGGAATGACAGAGATCAGTTCTTCC AACGTAACACAGGATAAATCCATCAGTCAGGAACAACATTTTGTG CTGCAAATATGAATAATAATAATCATACTGCTGTAATTGATGATGTG CAAAGTCAGCCATTATATTCGGATGCCAAATGGTTCTCTATTTAC TGAGAATTCAGTAGAAGGTGGATGGACTAGTAGTTCATTACTGCGT ACAGCAGATGACCAGACACAGGTGCATCCATT	AAT	G	17,87	167	CAAGGATAAACGAGA TGGTGGT	60,2	GCTGACTTGCACA TCATCAA	59,9	45,5	42,9	
342	BrPe3193	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 9306	3	942	953	12	4	9	CAATCATACACAGAATATGCATTTGCATGCTTAATTTGTTTTTCGTAA TTCATTCGATGGTTATGCACCTGTCAGATGGTTCTTGCCACTTTTCCG CATCGCCACTGAATCGATCTACGATTGAAGCTTCCGTAAGCGATCCA ATCTGGGGTGATGATGACATCTATCCACTGGAGGAAATCCTTC CATTCTCAGGTCTCGGATGCAAGCATATCTTAAATGGGGATCATGC TCCTGATGCTACAATCAATGTTGGAGTAGAATGCGAGTTGTGATTGT AGGTTATAGATTGGTGATTATACGTTAG	TGA	G	13,07	152	TTCCGTAAGCGATCC AATCT	59,7	CACAACTCGCATT TACTCCA	58,9	45	47,6	
343	BrPe3194	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 9349	3	3134	3145	12	4	9	CAAAATCTTATCATTACATTGGATTTTTCCGCTACTTGGATCTC ATATGCCATTACTAAGAATCTGTATCTGATTCGAACCTGACTCATC TGATTGAAACTCTGATGGCTTGGATTCGTTTCATATGGCTTCTAATG GAGGCAGGTCATCATCACTAGACCCAGCTCATTCTGTTTTC CGGGGATTATTACTGTCCGATTCTATCGAAACCTCCAAGGCTGT AGATTTAAAGATTTCCAGGCTGCAACCGATTATTAATACGAGGAAT ACATGAGAATACTCCAGCACTAGAAAAAAA	TCA	G	16,68	158	TGAACCTGACTCATC TGATTGAA	59,7	CTACAGCCTTGGAG GGTTTC	58,8	39,1	55	
344	BrPe3195	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 9365	3	406	420	15	5	12	CTCACAACCTCCATAAAAAACCTCCAGCGAAGAGTTAAAGTTTC ATGTCATGAATGAAAATCGCCGAGTTCAGGAGGTAGCGTTGGACCT CTTAAAGAAATACCACAGGAAGAATGAAGATTGGACATGACAGAC CTTCACAGTGAGGAAGAAGAAGAATATGATGACGACGAGGCA AGTTGTGCAAGTCCGATTTGTTTGAATTGGATAACCTTTTCCATC GAAATCGATAGGTACCGAGAAGAGTACCTGTGTATGAAACACCT ATCTGGTACTACTAATCGAGCCATTGCCAATGGCTTA	GAA	G	17,02	240	GTTGAGGAGTAGCG TTGGA	60,3	ATTGGCAATGGTC GATTAG	60,1	55	45	
345	BrPe3196	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 0253	3	4915	4926	12	4	9	ATCTCTTCCAAAAACAGGGGTGACAATATCGTGTAACTACGTGC CACCTTCATTATATACGTTTTCAAGAAATCTCAAAACTGGAGTTT CAGTGCTTAATCTTTCTCTCCATAAAAAGGTCATCAATCATCCAGT GAAAATAAGATAATAATAATAGATTGATGACATAATGCTCAGCCCA TTGTTAGCGTATGTTTTCCATGAAATTTCAAGCAACAAATCTCATAA TTCTTTGGTGGGATGGTGACAGGTTCCATCAGGTCCTCTTTTCTGA TTCTGAGGCCATAGATTTCATCTCCTT	ATA	S	15,27	189	CAAAAACAGGGGTG ACAAT	59,7	TACGCTAACAATGG CGTGAG	59,9	45	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
346	BrPe3197	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 0316	3	1928	1939	12	4	9	CATGTATGTAGTCAAATCAACAGTACCTGTACAGTTAACCTTCTA GATGCTTTCATATTGATTTCCACAAAAGGCCCAACATCGCCGTCAAC GCGCAAGATTCAGCGACTGGTACAGTTTGGTTCGGAAAAAGAG AAACAAATATTTATTATTATTACCAGTTTGAAGCCATTACTTCCAG GAAATTGCAGCACCCAATCAATGAATTGTTGAAATCCATTATTCAAT TGTGTTCTCTTCCACTCCACGTAAGTTTACTTTCTCAATCTTTCC AGTTTGATCGATTCTTTGGAATATGGCTA	TTA	S	18,34	152	ATTTCCACAAAAGGC CCAAC	61,1	AATTCATTGATTGG GTGCTG	58,4	45	40	
347	BrPe3198	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 0492	3	729	743	15	5	12	AACATGTGGCAAAGGTTCTCCATTATTGGATCATATCTTCCAAAATC ATTGACTGTGGGAGGACAAAGGTCAATGGAAGAAAAAGCAGATCC AGGACATCCAACGATGCCAGTGTGAGGGAATAAAGCATTTTTAGT TTAATCGTCTCTTATTATTATTATTAGATGATATACTTGTAGATC CTCTAAAACTTTATAACAGTATTTAATCATTTTGGACTGCTGCGAT TTGTATGGTGCAGGACTGTCTGAATATCAGACCATACTTAGATTAGT ATGACAATTGATTGGAATACTCGCTCTCTCAA	TTA	G	16,22	243	ACATGTGGCAAAGGT TCTCC	60,0	CACCATACAAATCG CAGCAG	60,3	50	50	
348	BrPe3199	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 0589	3	893	904	12	4	9	GACTGCTGGTTATTACCCAAATGACTCTTTAGTTTGTGCTCGTGA CGTTTATCTGAAGATAGCCATGTTAATAAACTATTCTGTGTTT GTTGGGTACAATTGCAGAGGAATCCAACCAAGAAGACTCCAAACTG GATTTGAGGAGGAGGAGGAGACCCTTACTAGGATGTTAATCT GGTTGTTGAGAGGTGGTTCATATTCTTCATTCCCTTACCTTTCTCT TTTCAAATTTCTAAAACATCAAGGACCTTAACGATCTGGGTCCGAT CACCTTAGGTGGCTCTGATTGCTGGGA	GAG	G	13,35	200	GCAGAGGAATCCAAC CAAGA	60,2	AGCAATCAGAGCCC ACCTAA	59,8	50	50	
349	BrPe3200	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 0784	3	1287	1298	12	4	9	GTTGCTATTATATAAAAGGAAACAAAGCAAGCTCTGCTCAGGAATG AAGCTCTGTGCAGAGTACATTTATGTGTTTGATACTTTTTATAATGC TTACACATCAGTTAAACCATCTACCTCTCCTAACTCCCTGCAGGACT ACACCAGAGGAAGAAGAATATAATAACAACGTACCAAAAACAC AAATAAATCTTCTAACCCAGACCAGGATAATGTAAACCTATAAAA TATATACAGTTTCAGGTTTCATCTAAAACAGTCTAAATGGACGGCTT ATTTGAAAATGTCTGAGAGATCAGTACCAAGAA	GAA	S	13,25	164	ACTCCCTGCAGGACT ACACC	59,2	CATTTTCAAATAAG CCGTCCA	60	60	38,1	
350	BrPe3201	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 0868	3	4663	4674	12	4	9	GTTGACATCAAAAGAGAATATTGAGGACACCGACAATAAAGATAGA TAGAGAACAATCCACATGTAGCAAAAATTAGTAAGCTAGAATACG TCCCTACCTAGCCATGCCCTTCTCGTCTGGAAGTGTTCATCATCGA TTTCAGGCATCTCTCTCTCTAAAGCCATTGCTTGACGACGGCGGT AGTGTCTTTGCAAGCCTGCAATAATTATTTGGTAAAAAGATCTGAG AAATTGAAAGCCGTAACCAAGTTCACGTCCCAAGTGAAGCCAGG TAATACAGATGCAGACAAGGTATGAATATTGG	TCT	G	17,93	156	CCCTTCTCGTCTGGA AGTGT	59,3	GGACGTGAAGTGG TTACGG	60,4	55	55	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
351	BrPe3202	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 0963	3	4524	4535	12	4	9	ATTAATCAAACGTGAAACTTTACTACATCAATCGAGTAACAAAAAG TAGAAAAATTTAAATGTAATGTTGAGTAATTTAAAAATAAAGAAG TACAAGAGCAAGCATGACAATTAAGAAAGTACACCTGGGCAAA ATGACAAGTTAAAAACAACAACCAAAAACACATTAGCTTTAGAA AAAATTGCAGAAGGTGGCTGGGACTGATCATCGTCATCATAAATT TATTACTAAGAACATAAAGAACAATCAATCAAATTAAGAAGTACA CAACTGCCAAAAACCCTAATATACTGCAGTATATGCG	AAC	S	18,76	167	CCTGGGCAAATGAC AAGTT	60,0	TTAGGGTTTTGGGC AGTTGT	59,5	45	45	
352	BrPe3203	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 1012	3	4307	4318	12	4	9	AGTTATTTTTAATGAACCTGACAGGACCAGAAGGAGCGAAAAAGAA GAAAGGGTTCGAGCTCTAGACTTGAAAAATCAGAGTCACAAAAATC AAATGGTGTCCAAGCTTAGCATTACAGAATTTACCGCTCAACCAAT TACAGTTTCTGAAAGAAGAAGAAAAAGATGTAGCCAGTAATTCAGA GAATCAAGTTGATGAGCCGCCAGCTTTAAAGAGGAAGCTATCAAGC TCAAACCTTCAAAGTCTGCAAGGCGTCGCCTTTTGTCAAATAGGA AGAGGCTTAACAACCTCAAAAAACAACATGTAAA	GAA	G	14,65	230	CCTGACAGGACCAGA AGGAG	59,8	CTTTGGAAGTTTG AGCTTGA	59,5	60	42,9	
353	BrPe3204	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 1210	3	1867	1878	12	4	9	CTCTTTTCACTGCCATCGCTGTGATTAAGAGTCCATACATGTTGTCA AGGGCTGGTATCGACTTACCCAGGATCTAATCAGCCGAGAAGGGCC GTTTCTTGAAACAGCTTGACATCCCATTTGCTGGCTTGACGATCCTTCT GTGGCCACTGTGTTGTTGGGAGCATATTGGCCACAATTTTCAGTA GCATTTTCATTGGATTGTATGCAGCAGTTGTTGTATCAGTTGGT CTGACTTCACTACTACTTTTGCAAGTTGTGTATCTTTGATTGCAA TCATCATTTGCATTCTAACATGTGCAGG	TTG	G	13,49	170	TCAAGGCTGGTATC GACTT	59,7	TGCTGCATACAATC CAATGAA	60,1	50	38,1	
354	BrPe3205	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 1240	3	1445	1456	12	4	9	TCTCTCCCATGCATGTTTCTTTATTATGAAATAAAACCATTGTTATAA TTGTTTCTTTATTTTATGTCATAAAAAATTGAGAACCAAAATAGG CACCGAAAAATTAAAAACCTAATTTATATTTATGAATCATTAGT TACTCTTATATTATTATAAAATCATTATAACGGAGTATAAACTT AACATAGAAGGACTGTGTGCAGGTATAAAGGGACTTATAATACAA AAATATTTTATATATTTTCTTTCATGIGTCAGTACATCGAGGA ATTCTGACGTTTGATGGATAGTGGTGCCTC	TAT	S	16,33	223	CAAAATAGGCACCG AAAAA	59,9	GCACCATATCCAT CAAACG	59	40	50	
355	BrPe3206	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 1756	3	1639	1650	12	4	9	GCCTGTGTCTACCACTGACTGACTTCAGGTTTCATGAAGTTGACAGAT TCAGGTGAACAAACGGATATCAGAAAAAATATTGGAGTATATGA GGGACAAAGCTCCAGAAATGCTAGAGTTGCTCGCTTGACGCAAGT ATTTGACAGCAGTGGTGGTGGTGCAGCACAATGTGCAGTATATG GAGGTTCTTTCTTGAAAGGTACCATTAGACCCACAACCTTTGCAA GGCAGCTGAAGAGGTAGGTCCTGTTTGCAGATCAGAAATGCGGG GTGAGTGCCCCCGCCTGAAGAGAATCGTAGAAA	GTG	G	15,61	170	GGACAAAGCTCCAGA AATGC	59,8	CTGCAAAACAGGAC CTACCC	59,6	50	55	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
356	BrPe3207	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 1864	3	1285	1296	12	4	9	CACCTGTCTATTATTCAAAAATAGCTAGGCTGGGTGATGAAAAAGG AAATCCAGCCAGATCGAAGAATTAATTACCGTGAGATTTTTGCCACT GAGAAAAAGTATGGAACACTGTGGAATGGATGTCATGGGAGATCTC TGAAGATCCGAAAAGAAGAAGCTTCTGTAGCGATGCTTTTCATC TCCTTGATATTTCCGAGAGGGAAAGTGGGAGATGGACCTCCAAACC CATTCTTTAAGCTTGAGATGAGCCCAGATAGGGAAAAATCCACAA GGAAAAGAACAGCCTCAGAGATAAGTAGAGTAGAG	AAG	G	13,3	238	GCTGGGTGATGAAAA AGGAA	60,1	CCCTATCTGGGCTC ATCTCA	60,2	45	55	
357	BrPe3208	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 1950	3	1889	1900	12	4	9	GGATGTAATGCACCTCACCTCCCATGTGGTTCTGCTGAAATATTTAG CAGATGCTAACGAGGTTCCAACCTGCCATCCAACATGTAAAACAAAT ACAAGAAACCTGTTCTTCCATGTTGCAAGTCATTTTTACTGAGCTCC TGGCCTTGCTTTCTTCTTCTTCAAACCTGAACCTATCCTACAGTTGC TTCAAGCGCTGTCTGAAGAATCCACTGATTTGAACAACAACACTCTG AGGCAGATATCCACTGATAGTTCAATTCTATATACTTAAACCAGAAG GTGGTGA	TTC	G	14,37	153	GCAGATGCTAACGAG GTTC	59,8	CAGCGCTTGAGCA ACTGTA	60,3	55	50	
358	BrPe3209	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 2157	3	2404	2421	18	6	15	GAAAGGAAGAGAAACCGCAAAGGAGCTCCATCAGCTGATTGTGTA GTATGCTTTCCCTCCAGAGCTCACCTAACCTTAATGCCAAGCCCAT TTGCAGTCTGCAAGGCCATCCGAGGTCAGCAAGCACCATCACACT CAAACACTACCTCCACCACCACCACCAGCATCACCAGCACCACA AAAAGAAATCTAGCACCAGAGGTGGAGGTAGCCAAGCCAGTCCGCT TTTATGGTCAAGAACTAAACAAATGGAGTCAGAAATCGTGGAAACCA ACCTCACCGGAGGTCACCTGCGCTGGGCAGATCAAAGTAAG	CCA	G	18,77	166	GTCAGCAAGCACCAT CACAC	60,3	GTGAGGTTGGTTCC ACGATT	59,8	55	50	
359	BrPe3210	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 2510	3	1206	1220	15	5	12	AGTACAAGTTCTACTACTAAGCACATCTCAGTAGCACACTACACAA GTCAAACAGTCAACTCTCTATGACACATATCATAACCATCTG TCATATCCTACAACACTATGTGGCTGGGTCGCTCATATCTCCTCATA TGAGTCTCGTCATCATCATCACTGCTGTAACCTCGCTCCCGA TTCGACCCAGTTCGG	TCA	S	28,99	100	CTGTCATATCCTACA ACTCATGTGG	59,8	GAATCGGGAGCGAG GTTTAC	61	44	55	
360	BrPe3211	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 2576	3	2127	2138	12	4	9	CAAATAGTCTCATGTACATCAGTCACACAAACAAGGTAATCCAA CCAAACATAACAGCCAAAAACAACATAAGCTACAACCAATAAGC ACAATCAAGATTTGTGCACACGACACCACACTCTCAAACCGAAC CAAATCCAACCAACACCACCACCCTCCGCAACATACATCAACATA GCTAACACAACAACATCCATCGATCTATTAATAAGAGGATGAC AAACACCAAGTTGAACCTCAATACAATACCACAAGAAAAACAAAAT AGTACCACCTAAGCACTCACCTCAAACCGCAAGCAA	CAC	G	21,5	201	CAACCAACATAACA GCCAAAA	59,9	TTCAACTGGTGTTT GTCATCC	59,9	36,4	40,9	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
361	BrPe3212	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 2621	3	1439	1450	12	4	9	TAAC TAGAAATATAGTAGAAAAAAGAAGAGTGGGGGTGCTACCGAT AATGCTCTGAAGGGACTTTTCCATCGCAGAACCTTCCAGTGGGGATT TCCCTTTGAAATCAACACCATATGGAGGAAAAGTTGCACTTAATTAGT GTTTTGAGATTGTTGTTGCTTTATCAACAACGGAAATCCCCAA AGACGAGGATGGCAGGGATGGTAACATTTGGAGGTAGCTTTACCAA AGCTTGGGTGGTGGAACTAGTAGAAGAAAGCAACAATGGCAA ACCGAACTGCATTAATGGGCTAATATTTCTTCC	TTG	G	16,47	207	AACCTTCCAGTGGG ATTCT	59,8	GGTTTGCCATTGTTG CTCTT	60,1	50	45	
362	BrPe3213	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 3068	3	373	384	12	4	9	TCCTGCGAGAAACAATCTCCGAAGGTGTATCTAAAGTCCATTCTT GTTTTCATGGGAGTGGCATTCTATCACCCTTCCCTGCTTGGCT CGAATTTGGCCGAAGCTTTTGACAACCGATGTTGGTCGTAT GGCAATGTCAGCAGCAGCAGTCAATGATGAGTGCCTGGATTCTA TTGGCTTTGCGATTGCCCTGTCAGGATCAGGGCATTCTGCTTTGT ATCTTTGTTGGTTTTCTTTGTTGGAGCTGGATTGTTATAGCATGCAC GTTCTTGTCTCTCTATTTTTAAATGGA	CAG	G	13,27	181	CGAGAAACAATCTCC GAAGG	59,8	GAATCCACGCAGCT ACATCA	59,8	50	50	
363	BrPe3214	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 3125	3	1910	1924	15	5	12	AACCTATCAGTTGAGCTTGGTATCCAGATAGTTTCAACAACAATATT GAAGTACTTTTACCTGTAGTAGCTCCTGGGATAATACTGAGAAGCTTG CATAAGGAGGATAAGAAGATGAATTAAGGTTATCCTGAAGAGCTCT AGCTAGTTCTTTCATCATCATCATCAGTTCCTCCATCTATATCCTGAATA ACAAATACACATAGCCAATTATCAAATGTGAGAGACAGGACTAGAG AATTGGTATGCCTTGCCTTTGCCCTTACCCTTGGTTTCTTCAAATCT TCAGCTAGAGAAAGGGCAATAGCATGATCTAAC	TCA	G	17,42	163	CTGAGAAGTTCGATA AGGAGGA	58,6	GGCATAACCAATTCT CTAGTCTG	59,2	45,5	47,8	
364	BrPe3215	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 3254	3	2257	2268	12	4	9	ACTGTTTAAAAAGTTTTATTTGATTCCCGATATGAAGAAATATACT GGAGTGTGAATCTTATTTTGTAAAAAATGACGATGAGCTTTTGGGA TGCATTAGTGCTAGAAAAGCATATCAGCTAGTCTCCAGGTACATC CACTACCTTTTCTTCTTCTTCACTCCCTCGAGTTGTTAAAAATAAT CTGATGACATACTAATAGCGTGTGATTATTTGACCCACACAGATG AGAGAGAAGTACTCTGTGGATGGGGAGAATCTGGCTACAAAGATTG CAGATTTATTGTTGAGTGAGGCTAGAACAC	TTC	S	18,54	152	GTGATGGCTTTTGGG ATGTC	60,3	TGTGGGTCAAATAA TCAAGCA	59	50	38,1	
365	BrPe3216	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 3330	3	468	479	12	4	9	GTTTATGCTCTGCTGGGTTTTATGATAGAAGAAAAATCTATCTATT TGAAACGCCACCCCAATACGTTTTTACCATTAAAAAAGGAATTT CCAACTTGGGAAGTCTTGGATACGTCACCTCAACAGATCACTTGTG CCTGTGTGAAAAGAAAGAACCCCATGCTGTATCGGCATTGGAG GAGTTGGCAATAAGGGAGGTAGAGGCGAGCTAGTTGTCAGTTGTAA AGAAAACTTGTTCATGTTGTTGGTGAAGAGGACGATGCCTTTTCTG CATTAGAGCTTGAAGCTTGTGCTTTTCCATT	AAG	G	8,41	167	TGGATACGCTACTCC AACCA	60,0	AAAAGGCATCGTCC TCTTCA	59,8	50	45	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
366	BrPe3217	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 3353	3	1690	1701	12	4	9	CATCCGTGTGCAATTGAAAAGTTGATCATTAAAGTATGGCCTTGTTTT GGTACATCTTGTGTGTGGAAAAGCAATAATGTTTCTACTGGACATTT GTTTGTATTTCCCAACGCGTTTTCAAACATATGGATCCATTTTTCCGGTC TGAAGCTAGCTGCTGCTATGATTATGAGGATGACGTCTGACTTC TGCCCTCTGACATCTGCACTCGTGGATGCTCTTTGCACCTCTAAAC GTATTTGAAAAGTTTACTGTTCAGCTACCCACAAAAGCTTCATCCAC ATCAAAGACACCTAGGCCGTGCCAGCCA	GCT	S	14,69	211	GATCCATTTTTCCGGT CTGA	59,9	AGCTTTGTGGGTAG CTGAACA	59,9	45	47,6	
367	BrPe3218	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 3647	3	2040	2051	12	4	9	AGAACTCATTGACAGTTACCACCACTCCCTTTTCAAAGGATGAT GCAAAATTATTCTGGGAAGAGTGTTCAGTCACAGATAGCTCTGGCA GAAACTCAGAACAGTAATCATGTTGCAGAGATTCAATAGGACTCAA CCAAGTACCACATCATCATGACCCGGTACCCATTTCAACAGAG GGAACAGAGAGTGGAACTTCATTAGTACAGAATCCATCGTCCAC ACTTCCCCATTCTCGCAGGACAACCACTGTTTATGTCTTCTCCTCCA GTCTGGAGGCGTGAGAAGGTACAGTGTACAAG	CAT	G	14,24	207	CCCTTTCAAAGGAT GATGC	59,5	GAAGTGTGGGACGA TGGATT	59,8	45	50	
368	BrPe3219	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 3650	3	3073	3087	15	5	12	GAGAAGTATATTTCCGAGGAGATCAGATCCATGGTGTCTCTAAAT GTGACCAAGATCTGTTCCGAATTAGTGCAGTTTGTACAGAGCCT TTGGCTTGGCATAGTCTTATAATCCAATCTTGCCTTAGATCGTCTCT CCATCTGGAAGAAGAAGAAGAAGGGTGGCTCTGCAGTAAACTCAG CCTCTCATATGATGCAATTCGGAATTCATAGAGTCTTGTGCCGT GTAGTTGAAGAGGTTACAAAATGGTTAAGAGAACAGATAAAGCCGAT CGGAGGATGAGAGGATGGAAAATATCTCTTATCT	AAG	G	18,36	198	CCTTTGGCTTGGCATA GTCT	59,3	ATCTCCGATCGGC TTATCT	60	50	50	
369	BrPe3220	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 3836	3	1730	1744	15	5	12	TCTCTACCTCCCCGTCACAGTGTATTTGTTTGAACAGCCGACAGCA ACATGCTTCTACAGACCACTTCTCTCCAAACCACTCCGGCCCGGCC CCAAAATCAACACCAAGTAACTTCTCACTTCCGACTCCGAAGA AGAGGAGGATGACGACGACGACGACAAGCCCAAGAAAAGAACTCGA CAAGACCAAGCTCCCTCCACCTTACAATCCCTTCGACAAAAAACCA GTTATCGAAGAAGCCGGTATCCCAAAGACTTGCCAAAACCTTCC ACGACATGCC	GAC	G	13,77	179	GCAGCAACATGCTTC CTACA	60,0	CGAAGGATTGTAA GGTGGA	59,9	50	50	
370	BrPe3221	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 3868	3	5865	5876	12	4	9	CTTGGTGTCTAACATATTTCTCTGCGCAGGTTGTTGACAATGATG CTGATAGTGTGAGTGCAGCATTGCGAGAGAGGTTAACCGGTGATGA TCCGAATCTCACCAGGAGGAAAGGTTGAAGATAAGACATTTTCTT GAAGCTTGCCTGATGATGATGACGAATGAATCTCGTCTTGGCAGC CGAGTATGATATATATACATACGTGATGATTATTAGTCAAGAAACA ATAAGCAGTAATAAGGGTGCCTTGGTTGCCGGAATTGTTGGATGC GAAAAAGGAAATAGATATAAAATAATTCCTGAT	TGA	G	18,5	158	CGCAGGTTGTTGACA ATGAT	59,6	TGCCAGAGACGAGA TTCATTC	60,4	45	47,6	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
371	BrPe3222	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 3925	3	320	331	12	4	9	CTTAATGGATCAAGCTGGAATATTGAGATTTCTCTTAATAGATTAAT CACGTGAAAGAAAAGAACCTGCTTGTGATTTGTGCTTTTGTGGGCT GGACTAGGAAACAAATGAGTTAGGTCTGTACATGTGGAAGTTGCC ACGTTTCGTTGGAGGAGGACGGGATGATAGGATGATGACCCAAC ACCATATCTGTCGATTCCCATTTAACTAACTTCGAGCTTGCTACG GCACCTCCACAGACAGACACCTGTATGCGGAGAAGATGAATCTAT TGAAAGGTGGCAGCTTACAGGGCTTGCCTTT	GGA	G	14,23	153	GTGGGCTGGACTAGG AAACA	60,1	AAGGTGCCGTAGCA AGCTC	60,6	55	57,9	
372	BrPe3223	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 4069	3	1590	1607	18	6	15	AGGTAGCAGATGAGGAGAATTAGCAGGATCTCTGCTGGAGAAGTAG ACTGGAAGTGTTCCTCAACTCTTAGATCATCTAAGGTAAGAAAAT GTTATCTGCAGCTTCTACGTGCTCCATTTGTGAATGATAATGTGCAT GCTTTCGAAGATCATCATCATCATCTCGGGTGTGCTTTTGTAA GGTGATCCTCATATTTGGAATAATCCATGAACGTGTCATCAACAGGA TGTTCTGCAGATGTTTGGATCATCATCTCTTCTTCAACGTCGTG CCGATCAACATTCTGGCCCTTACCACCAGCATA	ATC	G	13,63	150	TCTGCAGCTTCTACGT GCTC	59,5	TCTGCAAGAACATC CTGTGA	59,4	55	42,9	
373	BrPe3224	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 4319	3	2335	2346	12	4	9	TTTGATGATTTATGAACTGGATATGGTTTAAAGGTGGAATGTTTT AAAAGCGGAACAAAGCTGGGAACTGGTGGTATGAGGAGCAAGA CCATCTGAGGACCACTGGTCTATGGGAAAGCTGTTGGAGATTATC TAGATCTTCGTTCTTCTTCCAATATGGTGTCGTGTATCATCTAA AAATTACTGGTGGAGATACTAGTATAGCTGTTACTTGCTTCTTGG ATTTACATGATTGTAGCGGTTGGGATTTATATCATTATAGCATATGC CCATGATAAATATGCTGCAAAGGAGCATATC	TTC	G	014	150	CTATGGGAAAGCTG TTGGA	60,1	AATCCCAACCGCTA CAATCA	60,3	50	45	
374	BrPe3225	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 4409	3	435	446	12	4	9	TTATACTATAGCAATAAAAACCTCTAACAATATACCAGCAGCAGC AAAAAGAACGAGGAGTTGAAACCATCTAAGCCTGATACTTTATCTT TATCAATCCCTAATAAAGCTTGTCTAATTCATCAACAGTCACTGGT TTACATAGTAGCTCCCTCCTCTGCGGATACTCTCGGCCATCCTC CATGATCCGAGAATCAATATGTTTCTGTAGCTGACATCTACTCTCA AAATACTGTGGTAGTAATCCACTATTAGGTTAGAGATTTCTGTGGT TTAGACACAGTGCTGCCATCCTCTTCAGAT	CTC	G	15,78	181	TTCATCAACAGTCAC TGGTTTACA	59,6	GGATGGCAGCACTG TGTCTA	59,9	37,5	55	
375	BrPe3226	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 5039	3	1607	1618	12	4	9	GGAAGAAGAGGATGCTTACCTGGTGAATTGGTGCGAAGCTTTAC TTGGTTGCTAGAAATCCCTCTAGAAGGTGCAACGTTTTGGAATCTTT GGTTAGTTTCTTTGTGGAGTTCGGTATTCGGTTTGCCAGATCATC ACAGTTACTGGAGGAGGACTTGCCGGTTGAAGATGCCCTCTCG AGATAATATTGTGGAAGAAGCAACAGGTTGAATCTGGAACACCC GATACAGAGGTTGTAAGAATTTGCGGGTCCAGATATTATAATTC AGAGCAACCCAGAAGACCAGTCAACAGTTGAAAC	GGA	G	11,91	198	GGTGCAACGTTTTGG AATCT	60,0	TATCTGACCCGCGA AATTCT	59,7	45	45	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
376	BrPe3227	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 5466	3	2148	2159	12	4	9	CTTAACAAAAATATGAAAATGTTTCGCAAAATCGAATCACAGATAAA CAATTCAAGACTTTTCTAACAAAAATAAGCATGTTAAACTCTATAA TTTAGAAGTTTAACTCAACCCGAAAAGAAAACCAACCCTCAAA CCAAGCAACACACAACAACAACAACCCGCTAGAGCCAACCTAA CGAACAAAACACTCAGACTCACTCAGAAACTAAGACACACATCA ATACATCTCAAAAATCAAACCTCTCAGAGTCATGCCAACTCGTAC CAAAGGTGCAGCACAACATGAGTAACATAACCTTA	ACA	S	48,21	163	CAACCCGAAAAGAAA ACCAA	59,9	CGAGTTTGGCATGA CTCTGA	60	40	50	
377	BrPe3228	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 5495	3	2512	2523	12	4	9	GCATAGCCGCATAGGTTCCAACAGGAGATACCAAACCTTGATGCGCT TTAATGACTTCTTGGACAAGGCATGGACAAGCATGGTGGTTATTCTG AAGATGTTTATTTGGACCAAGAAGAAAAGCGATAAGACATGCCAT TGGGATTACACTACTACTACTTGTGTTGTTTTTCCATGCCTCTAT AGCTGGAGCTCATAGGGGTAGAAAATTGCCTGCAGCTCAATAAACCC CTTCCCTATGCAAGACAATTTTCAACCCACTTTACTCTAACAGACTA ACACACTAATTTAAACCCAAAAACTCAGAAAT	ACT	G	18,1	174	ACTTCTTGACAAGG CATGG	60,1	TGAGCTGCAGGCAA TTTCTA	59,7	50	45	
378	BrPe3229	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 5961	3	1638	1649	12	4	9	AAAAGTAGCCGCACACAGAAATGTGAGGAAACATAAAATAAAATAC TACAACATAATCATACCCGAGGAAGAAGAAGAAGACGACGAC GAATTGTGTGCCACTTCAGCCTTCAACCTCAATCTCAGCGTGTGA AGACGAAGCATCGGAAGAAGAAGAAATATGGCTATGCCCTCCGAGTT TTCTCCGACTGCAGTGACCAACGGTGGTTGTGCCCTTTTGTACAA AGGTAAATTAATAATTTTCGTGGTGGGGTCATTAATTAATTAATTATT TATTTGGCTGAGGAACAAAAATGGAGATGTAAGTT	GAA	G	12,41	151	CCACTTCAGCCTTCA ACCTC	59,8	CCACGAAAATTTTA ATTTACCTTTGTA	60	55	25,9	
379	BrPe3230	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 6027	3	212	223	12	4	9	AAGATGAAGAACAGGCCAAAAACAAAAATTTTGGCGAACCCGATT ACCTGTTGACGTGCAGAAACAGATGCAGACGGCAGATCTTGTGTTA GAACCCCTCTTCTGGTATCCACACAACACTTCGCATGGCTGGATCGA TGGCTGGTTTTAGGAGGAGGAGCGGCTTGTACAGAGAAAACGTCT TTTCTCTCTTCTGCCTGTTTTCTGAATACGTGCGTCTATTTGGTTC AGTTACTGACTGAATCAAGACCACATATTTTAATCTGACTTAATCAG ATTACTAGTATCCATTTCTTAAACGGATA	AGG	G	142,33	158	ACGTGCAGAAACAGA TGCAG	60,1	TCAGGAAAACAGG CAGAAGA	60	50	42,9	
380	BrPe3231	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 6076	3	12533	12544	12	4	9	ATATCAAGTCCCTTACGTTCAATGACCTAGAAAGGGGAAGTCAGTC CATTCTTTTCTGTAGTAGATAACAAAAAGTTTCCAGATTGAGAGTACT TGTAAGACACCTCATACGGCGTCCCATCTTAACTCCACCTTGAC AGCAGCATATTTCTTCTTTCAGAAAGCAGCATCTCTTGTACAAC CATCAAGATCTATTTCTAGACACCTGTACTTCTTATTAACCTAAATG GAAAAAAGAAAAAAGATGAGATTGAAGAAACATATGTCAT AGCACACAGTGAGAAAATGTCCGTACCCATAT	TTC	G	18,82	181	TCCCTTACGTTCAATG ACCT	57,1	TGGTTTGTACAAGA GAATGCTG	58	45	40,9	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
381	BrPe3232	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 6743	3	3770	3781	12	4	9	TTTGAAGCTGTAGCTGTGCAAGATTTTGCAACTTAAACTTTTGTG GGTTATTATGAATTTGTGAAACTGTACTCTTGTCTGCTTTATGCTT AACTCCTGACATTCACAGAACTGTGCCCTTGAGTATGAAAGTCAC GGGGATATGGCTGCTGCTGCTTTAGCATATAAATGTTTGGAGGTTGC ATGCTGGAGAGTAGTTTACTGCAAACTTCTACCTCAATCAGAGACC ACAGTGAATTACAAGCATGTTTCAAATGAGTGCCCAAGTAATGT AGTGGTATCTATTATCTGGGTATATTGTTT	GCT	G	16,17	164	CACAGAAACTGTGCC CTTGA	59,9	TGGGCATCATTG AAAACA	60,1	50	40	
382	BrPe3233	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 6975	3	160	171	12	4	9	AGAAAAAAGAAAAAATCTTAAATCTTCTTAAATAAAAA AGAAGTTGTTTCGCATAAGATTAATGAGAAGAACTAAAAATAAA ATAGCATAAAACAACCTAAGCATTGGATAGGCACCTGGTAAGTACAA GGCAGGTCATTGGAAGAAGAAGAACGGAAAGAAAAACCCAAAGCAA AAGCGAAACGCAATAATGGATTTGGATTGACGATTGCGGAAGTG ATGGTGGCTCTGATCCTGTTGGTGCCTTCACTGTTGCTATTGCAATC CTCTCCAATCCTACGATAGAAGACCCACAACAC	GAA	G	13,36	152	AAGCATTGGATAGGC ACTGG	60,1	AGTGAAGGCACCAA CAGGAT	59,6	50	50	
383	BrPe3234	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 7119	3	5076	5087	12	4	9	CTTCCTTTTCAACAACGACAGGATCCTACAGCACACGTAGTTCGATT GAAGAACTCAAGCAATCAATGAAAAAAGGGTACAAGCAAAT AACAGATGATAAAATAACCGTACCGTTGGCTTGGTTTCTTGACAG AAGGCAGTAGCAGAAGAAGACGAAGAAGAGGCGCAACTCTG GCTCCCGCAAACCTGCGTTTGGAAAGCAATGCGCGGTTTCGAGAA AAGAGAGTCTGGAGTTGGAAGTTGTTAGGAAGAAATAGGCACGA GAGATTGATGACCGCTGCGGTGGTGGCCATGGTTCT	AGA	G	15,12	178	TACCGTTGGCTTGGTT TCTT	59,6	AGCGGTATCAATC TCTCGT	59,8	45	50	
384	BrPe3235	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 7435	3	1815	1826	12	4	9	CCATCAGACCATAAAAAATGGGAAAAGCTACAAACAGAGTTTCAAA AAGGTAACACTCAGAGAAAATAGACAGCAACAAACTGTGGAGCA AATATCTAATAAGGGTCAGAATAGTTACTGCAGAGCACATACCCAA TCAAGCAACATGACATCATCATATTGGCAAGCCGAGCAAGGTCAA AGGCCCTCTGTCCAGTAATTAGCTCCAGAAGCATGATCCATAACC AAAAACATCGGTCTTCTCAGATGATTGCTGTAGAGAGATATTTCAG GGCAATGTGGCCTATTGTACCACGGACAGCAGTAG	CAT	G	16,03	152	GCAACAACTGTGGA GCAAA	59,9	ATGGGATCATGCTT CTGGAG	60	45	50	
385	BrPe3236	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 7795	3	2907	2918	12	4	9	AGCAGCATCCTGAAAATGATGACAAATCAAACCAGTGATGGATAC CATTAGACTCTCAAAGGGGAACCATGAATAAAAAATAAATGGAG TATAAAGCAAAATATACCAAAGTGCACGGAAGTCCGACAGACAAGG AACCTCATTATCACATCATCATATATTTTATGGCAGGAAGTGC TCCAGATGACCCCTTCTCATCTGATCATCAGCTCAGGATGGTAA TATCAATCTTTGGAGGGTCACCAAGTAACCGTGGTCCAGGTTTACCA CCAGGTTTCAGGCCAGTAGAAGCTACAGCGTTGT	CAT	G	16,41	171	GAAGTCCGACAGCAA GGAAC	59,9	GCCTGAAACCTGGT GGTAAA	60	55	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
386	BrPe3237	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 7960	3	186	197	12	4	9	CTTCAGCATGCCAGCTTAGAAAACAAAAAGAAAGAGAAGAAAATA CCAGAAAGTACCCACATACTTGTGGCTGGTCTTAATTAATTAAGACT TAGATAGTAGATAGCAAGACATCGTTGTCACCTGGCAAAAACAGAC CAACTTGTCAAATGATGATGATGTTTCGTAATAATCAAAGGCCAGTG AGGAATACTAGTAGGAGCTTCTATCATACTTGCTGGGGCATTTCATAT TTTGCCTAATAAATATAGCCGTAATCCCAACATTTACTGCGTCGCG AGTTTACTGTATGTATTAACCATGAAGTGC	ATG	S	15,73	158	CACCTTGGCAAAAACA GACCA	59,7	CGACGCAGTGTAAA TGTTGG	60,2	45	50	
387	BrPe3238	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 8027	3	165	179	15	5	12	AGATGGAATTGAATGGGGCACCCGCTTTTGGGTATCGACAGAGAAC AAGAAAGCGCAACAGAATGACAGTACAAAGACTTGTCTTGACGCTGA AGGAGAAGAATAATAGAGGCAGCAAGACTCAATCACTGGACATCT TGGATTGCCAAAGAGGAGGAGGAGGAGAAAAGCAAAGCAACAAG GGACAAAATAGAAAGCAAAAAGTACAAAAGAAAAGAGGAATTGT	GAG	G	9,55	169	GCCTTTTGGGTATCG ACAGA	60,1	TTTTGTCCCTTGTG CCTTT	59,6	50	40	
388	BrPe3239	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 8814	3	1473	1484	12	4	9	TATGGTGATTGGCTTGATGACCTGCCAATAGCGCATAACTTGACAAA CCAAGTGGAGAACTTGGTCTGAATGCGGGATGAGAATTTTGTTCGT TTGTGCTTTCITGAGTTCAGAAATTTAGAAGATTTTGGGTTGTTCAAA AGGCATACATGATGATGATGGCACAGGAAATTTCTTTTGTGTTATA GGCTTTGAAGTTTATTTCTTTCTTATGGCCCTTATCACAGAAGA AGTGGAGATACATGCTGCTATGATAACAATCTCTCCGTTGGCAAAA GAAATAAAGCTTCATTTATTTACAGAA	ATG	S	16,01	196	GGTGATTGGCTTGAT GACCT	59,9	TTCAAAAGCCTATA AACAAAAGAAAA	60	50	22,2	
389	BrPe3240	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 9041	3	1523	1534	12	4	9	CCATGGATCTGCCCATTTAAAATCAAATGCTACTTGTATTGCAAT ACTTGGTTGCAATTATGAAAAAGTTTTATCTTAGATCGTGCAGGA AAATATACAAGTTGTTTCTCGGGTCTCTTCCACACCACTGGGA GATGTAGGAGATGATGATGATATTCAAGAACTTAATGAAGCTCTTG GGGCTGCAAAAACACGTGTAGAATGCTGCTCATCTTAAAAGC TGCTATTAGGTGAGACATGCTTCTGTGTTTGCAAATATCCTTTAGT TTTGCTGCATGAGTTGTTATCTGTGTTCT	GAT	G	18,45	197	AGTTGTTTCTCGGGT TCCT	60,0	AACAACTCATGCAG GCAAAA	59,3	50	40	
390	BrPe3241	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 9622	3	460	480	21	7	18	CACAAAACCTGTGACTCCATCTACTCCCTCGGAAACAAGAAAGTCT GTTGTGTTGTCATCAGCGAGTAAGAGTTCAAGGACATCAGCTGCATC TGATGTAAGCAAGCCGAAAGTCTTAAAAAGTCTCAGTTAAGCCA ACATCGTCTGTTCTTCTTCTTCTTCTTCAAAAAGGATTAGTTCT ACTTCATTGGACAGTACTGGAATTAGTGTGGGTAGAAAGATTGTCCC GAAAAGTTTCTTACCATCCACTCAGTCACCTTCAGTTTCTAGCCGGC TGAGAACTGGGTCTTGGTCACTTCTCTTGACAGGAGTTC	TTC	G	18,3	186	GATGTAAGCAAGCCG GAAAG	59,8	CCGGTAGAAAATG AAGGTG	59,9	50	55	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
391	BrPe3242	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 9639	3	2363	2374	12	4	9	CGGGTTGAACGCCATTGAGTATCAAGGTAATAGCTAGAAAGGGGCT GAGTTACAGCAGCGGCTTGGGAGACCACTTCCCTTCCGTGAATGCAT AGTAAGCACATTTTCGAGTGCACCACAACGAAGGCTGCGATCAC CGCAATAATGAAAGAAGAAGAAAGTACCACAACCACCGAAAAGGC CGCTGATTTGGATGTGCTGCTCCAAGTTCATTGCTCACTCT	AAG	G	15,85	214	GGGTTGAACGCCATT GAGTA	60,9	TGAACCTGGAGCAG CACATC	60	50	50	
392	BrPe3243	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 9768	3	1924	1935	12	4	9	TCCCTGAAAAATAAACGCATCGGACAGTTTCTGGGATTGTTCAAA CCATTCAAAAACGGTCAACATAAAGAGATACCCAACCCCGAAAAGGA AAAAGACCTTACCTTTCGGGTTATAGGTTGTTTCCATGGCGATTG GGAGGGATTGTCTTCTTCTGCTGACCCTTGAAAAGGGCGTTCCT CTGAGTCATCTCCGAGCGAATGTTTAGGGTTTTCTAGTTTAGCCCTT ACTGGTAGTATAAGGAGAAAGGTAGAGCCTTGGAGTTTTATGGATA AAATAAAATATTTGACAATATCTTCCCGAA	TCT	G	14,74	197	AAACGCATCGGACAG TTTC	60,1	ACATTCGCTCGGAG ATGACT	59,8	45	50	
393	BrPe3244	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 0368	3	4782	4793	12	4	9	ATCTAAAAGACACACCAGCCTTTTCTAATGTGTTAAATCTCGAATGG AGTTCAGGACTGACATCATCCCTGCAATTACTCCCGAAATATTAGAA AGAATCTTGAAGCGTGATCCTCGCATCTTTCTTGGTAAGAATCCTT CTGATTAGTTCCTCCTCCTCCGTTTTCTTCTGCGCGGCGCATGCAA CCACTGACCATAATTCGATCCCATAGTTTTGTTGCTTTCATTTACTAT ACTCATCGTCGATGAAGGTGATGATCTCCTCATCGCGTCATTAGTCC GTTTTGATTGTATTGTCAGGTGTAGATT	TCC	G	14,33	173	TCCTCGCATCTTTTCT TGGT	59,8	GGACTAATGACGCG ATGAGG	60,6	45	55	
394	BrPe3245	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 0403	3	167	178	12	4	9	GGGTCTGGTTGCCATCAATGCGGGAGAGAAAACCTATCTTAATCCG ACCCACCCACAGAACATGGTTCCTCCTCCGACATGACCCTCGACAA CAGGTTTCGTTGTTGGAGATGAGTGGTAACGCCGCTTACGGAAGC AGTACTACCGCATGATGATGATGGATGAGTCTTTCATCACTGACCCC ACCATGCCATTTCTTCAAATGCTGGACAAGCCCTTATCGCATGGAAC TGGACTCAGGAAGAGATCTAGATCTGATGCCGACATTCTAGATTG ACGTTGAAGCTGTAGAAGTTAATAGTCTGTTGG	ATG	G	11,79	171	ATGCGGGAGAGAAAAC CCTAT	59,9	GGTGGGGTCAGTGA TGAAAG	60,4	50	55	
395	BrPe3246	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 0754	3	1681	1695	15	5	12	TATATAAATCTCACTAAATCTGAGTGTGCATGGTTAGAATTACGTA TATACAAGCTAACTTGAGGAAATGTGTGCTTAAATCAGGTAAGAG TTGCAGGTTAAGATGGTACAATCAGCTGGATCCAAGAATCAATCGA AGCCATTACAGAAAGAAGAAGAGCGGCTGCTTCTCACA AGATCCATGGGAATCGATGGTCTATTATCGCAAGACTTTTCTCGGT CGCACCGATAATGCTATCAAGAACCATTGGCATGTTATCATGGCAA GAAGACACAGGAAAGATCCAGGCTTAATGCAAAAAG	AGA	G	17,25	174	ATCAATCGAAGCCCA TTCAC	59,9	AAGCCTGGATCTT CCCTGT	60,1	45	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
396	BrPe3247	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 1267	3	2479	2490	12	4	9	CATGAACCAGTTGCTTTACATAGAATCATGCATTCGGAAGATCCAG AAATCAAAGCCCAAGAAAGAAAATGTTGTGCTCGGTGATCAGATTG TTCATGAAACAGACTTAGAAACAGATGTCGAACAAAGGTAGCTTG ATTTGGTACTGATCATCATCATCTTGATAACAATTGTTAGCTTATC TTACAGAAGGTTTATCCATCAATCACTGCAGGGAAACAACATCAAC ACCGAGCTTGGCATCACTGCCTCTGAAGATGCAGTTCTTGACACACT ATCTGAAAGAGCTGAAAAAGAAATAGTTTCTGA	ATC	S	18,44	168	TGCTCGGTGATCAGA TTGTT	59,2	CAAGCTCGGTGTG ATGTTG	60,3	45	50	
397	BrPe3248	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 1977	3	1414	1425	12	4	9	GGCAGCCTCAAGCACGCCGGAGCTACTTGAGGTTTCTCTTTCTGAT CAAGAGGTTCCATCAGAGAGAATTCAAGCAAAGCAGATACTGCTC AGTAGTTGCCAAGTTGTCATTATCGTATCTGTCGTAGTAGTTGATG GTGTTGCAGCTGTTGTTGTTGTTGACGAGCAAGGATCTCGGCTCATC CTATCAGAACTCTCCGAACCAATTTGAATGGTTAGACATGTTATCATA ACTCTGCTTTCTCGTTTATATTGGAGTAAAGGGAAAGGTGCGTCGG TGCTAAGCATACACCCGAGGACTGTCCTC	TGT	G	16,1	215	TGCAGTAGTTGCCGA AGTTG	60,0	GTCTCGGTGTGT ATGCTT	60	50	55	
398	BrPe3249	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 2332	3	4125	4136	12	4	9	TGAATTGATCTACAATTTTACATCTCTGACGTTGTTGTTTCATATCT TACAGTTTCCCTACTCTACCAAGAAGGGTTCAAACCGTCTCTGTT AGCTGTTACCGAATATTCGGATGGGCATCAACGGCATAAGTAAAGT CCACACTGATCTTCTTCTTGCATCCGCGCAATGGAGTATCAAGCT TTCCGTAAGGGGAGAAGTTGTCGGCTGGAGATCCTGGGAACGA CCATGTACTCATGCGTTGTGGGTTGTGAACGTGTCAGATGGCACTG TCAATTAGTTACTTACCTACATACAGCATA	TCT	G	15,89	161	AATATTCGGATGGGC ATTCA	60,1	AGTTCACAACCCAC ACAACG	59,5	40	50	
399	BrPe3250	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 2391	3	1215	1226	12	4	9	GATAAACTTAATCCGAGGCCTTATGAGTATGGGCTACTAACACCT TGATGACGTTTGAGGCTCACAATCTTTTTCGCGCCTGGGTTGTCCA CACTTTGCGTCACTAGAGCAACCAACGGTTCTAAACAACCGGGAA AAAGAAGAACAAGAAGAAGCCAGGCGTAAATACGAGCAGAAC GAGAGTTTATCATCTTTTGTATTGATAGACTGGTAGCGAGAGGTT TAGAGCTTTGATCGAAGATTGTAGTTAGTTCCCTTTCTGTTATGGAA ATAAGGCTTGATTATTTCTGTGTATGGGGTGG	AAG	S	15,81	150	TGTCCACACTTTGCGT CACT	60,4	GCTCTAACCTCTC GCTACCA	58,8	50	52,4	
400	BrPe3251	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 2888	3	713	724	12	4	9	TGGGTCATCGGATGGATGTTGTGAGCTAGAAAAATGCCAAAACC ATGCCTCTCGAGAAAAGTTGGTCATGGTCACTGTACCATATTTTT CGATGCTCCATACCGACTTCAACGGTCAAGCATTACACACTATT ATCTGTCAATTATCATCATCAGCCCATCCAGTAGTTTATAAAAAG CATTAACTTACCGACTGTAATTCACACGCTGTTGCCACCCATA CATAACACGAGCTTCGGGTAAGTTGGCATAAAAACATAAATCAA A	TCA	S	17,12	150	CTGTACCATTATTTT CCGATGC	59,8	GGCAACAGCGTGTG AATTA	58,3	39,1	47,4	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
401	BrPe3252	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 3025	3	786	800	15	5	12	GTCGATCGGGAGGTGTTCTTGITGGGATTGGTCGGTGGGTTTT CGAAATCTTTGGTTTAGTGGGGGTTAAGGTTTTCCGGAAGAGAATA ATGATGTTGACTTTGACGTTTGGGGGTGGAAGTACTATGGAAGTAGT GGTTACAATCCAACAACAACAACAAGACAAGAAGTACAAGTAA AACTTCACGAAGACAAGACCGATAACGCCTGTAGGAACGTCAACAT GTCGATTTACATTGGTCGCGAAGCTTCAAAGGTTTCTTCTCTGCTC CTTAGCTTCAAATTGTGGAACTGTTTTAGTTTT	CAA	G	15,83	210	GGGAGGTGTTCTTGT GTTGG	60,4	ACAGGCGTTATCGG TCTTGT	59,6	55	50	
402	BrPe3253	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 3495	3	223	234	12	4	9	ATAATTCACAATTGCTCCTCGAAGCAATTTCCATGCCTCGTCTCAA TCTCCGACAGCTCTCTCAACTTTGGGAAACGGTCTCATTCATACCC TTAAAATAATCTATATGTAATTTAGCTCCATTAATGTCTACAGTATTA GAGCTTATTTCTTCTTCAACTACGTTATTTCCAGTTTCAACCTTT TCAAACACTAAGGGCTTCAAATTCAGCCCTCTTGAATGTAAATCCT CTCAAAACCTTGTCAATTAGCATTGGAATCTACAGATGTTGAATGAT TCCTAAAATCAGACGCTACCTTGGGAAT	TTC	G	16,05	159	CTTTGGGAACGGTCT CATTG	59,5	TTCAGGAGGGCTG AATTG	60,2	50	45	
403	BrPe3254	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 3737	3	243	254	12	4	9	TGACACTGTACTAAGCACTTTACAGAGTCGTTTTGATTAACAGGGAC TTTACTATATTTACTATATTATTACGCTGATAACTTCTGAGAAATTC TGCGCTTCGCCACATTAGACACCTGAACGCCACCTGATCTTGCC ATGAACTTTCTTCTTCTTTCGAGCAATTTCTCCTCAGCAATTCCTTA TTGGTTTCTTCTCACTCTCACCTGCTCCAAAACAGGGTTGCCTGGC GTAGGTGAATTCTCATTCTGTCGAGGCACGATCACCGCGCCEAAAA CAAGGTTGCTGGGGTAGGTGAACCTTA	TTC	G	13,37	163	GCCACATTAGACA CCTG	60,1	GTGCCTCGACAGAA TGAGAA	59	57,9	50	
404	BrPe3255	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 3899	3	371	382	12	4	9	CTCTGCTACTTCAGATTGAGGAGCAGTTGGGTTCTTGTAGGACAT GATCAACAAGGATACCTTTATCCTTCAACTTCTTAAGTAGTTGCTA ATGTCAAAATTTGGTCACAGCATTGGTCTCTGTACTCTATTGCTGC CATATCATATGCTGCTGCTCCTCTTGTGTGCTTTAAAGGATTA AACAAACAAGACATAATAAAGTAAGAATCTGATAAAAAGCTGAAG ATCTCATTAAAGAAAGGCAAAGCTTTACAGTACAGAATAAACTAAAG CCATCAGAATTAACAATTAAGGCCAGAGTAG	TGC	G	12,63	169	CAGTGGAGCAGTTGG GTTCT	60,3	TCCTTAAAAGACAC ACAAGAGGA	58	55	39,1	
405	BrPe3256	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 3934	3	692	703	12	4	9	GATGATGAAGAAGACAATGTGGTTGAAGCAATGGCATCAGTGCATA AGGGCAGAAGGAACAGACGTTGGAGGCATTGGAGTGAAGATTTTCC AACAGAAGTTTCAAGCAGGAGGAGGAGGTTATGGAATGTGA TAAACCAAGACTAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGCTAA GAACAGTGTGAAGAAGTTGAAAAGGATGATTTTGTGGAATAAA AGCTTCAATGAGGAACTAATGGACTATGCGATCAGAAAATGGAAG CGTCTCATCTCTTTTACAGAACACGGGCATGATGGT	AGG	G	15,45	181	TGGAATGTGATAAAC CAAAGACT	57,7	TCATGCCGTGTTCT GTAAA	60,1	34,8	45	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
406	BrPe3257	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 4305	3	447	458	12	4	9	TTTCATCCGTTTCAAGTAGAAAAACAAAGACTCACCGGTACAGCGA GTTTCGCTGGCAAAGAAAGAAATCAGAGAAAGTGCCTTGAGTTGGAATT AAGATCATCGTCCACTTGTCTCTGAGACGCCAGGGAGAGAGTCT TTCTCTAGTTCTCTTCTCTCTATATGGTTATCTTGCTCTTGAACA AGGCTTTCCTTAAGTTCACCATAGAGAAATCGAAAAAGCAATCAA CAGAGAAGTCTTCACTCGAAACAACCCATTAGATGCTGCGGTAAA ACACCAGATATCCTCGCTGTTATTCTGTGGGTC	TCT	G	11,43	156	AGACGACCCAGGGAG AGAGT	60,3	GCAGCATCTAATGG GGTTGT	60	60	50	
407	BrPe3258	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 4943	3	554	568	15	5	12	GTTGCTACGTTACTTAGAATCTAGGTGTATGAATAATTTAAATCCAG ACACATATTTATAATCATAAATAATTGTTTAAAAATAAAAGTCTTA CGTTGATTTTCAGCTACAGATTAGACTCGAGAGATGAAGTCAAACA ATGTGGGTGATGGTGGTGGTGGTGGCATTCTTAGCAAAGAGATAAT CCCTTCCTAATCAATCATCTAAAATTTCTAACCCATCTTCTGATT CATCGGATAACAATAAGACAGGAGCGATTCTTAAAGAAATCGGAA AATCCAACATGTACGTGGGATTAATAGCGACACA	TGG	G	14,48	172	TCGAGAGATGAAGTC AAACAATG	59,4	CATGTTTGGATTTTC CGATT	58,8	39,1	33,3	
408	BrPe3259	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 5191	3	802	813	12	4	9	AGACTGAGAGACTGCATCGAAGAGGTAACCAAGTTCACGCTGGAGT CTCACGTTAATGGAAGTCTAGGATTCGATTTACGTCCTCAAAGGAC TTCTGCTCCAACCTCATCAAACCCGATCCGGACGACGCCGTTCTGCC CCTTCTGAGACCACCACCCTCCACAACCCGTTACATTCCTTTTAA AGTTTTAACCAATTCAGTGGTATTTATTTCTGTGTCGGTCTTCATG TTTTATGAAATTACTCCGGCAGATTGTTTTGTCGGAGTCCGGAGTA TCCTTTGTACAAGCGTTTATCTTCTGCTAT	ACC	G	12,49	250	ACCAAGTTCACGCTG GAGTC	60,3	CGGAAGTCCGACAA AACAAAT	60	55	45	
409	BrPe3260	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 5330	3	892	903	12	4	9	CTGTCTCGTTTCGTCCTTTCGTACACAAGACCAGATGAGGGACCT TTCCAAAGTTGCTAAATTTGAGGCTAAAGAAAACACAGCGTCTTCAT AACATGGTTCGTCGATCGCTTGCAGGGTTAGGAGCTTTTAAATAA TTATAAATATATTATTATTATGCTTTAAATAGTTCAGATAATATTTT TACAAACGACTCTATTATACATTTACCATAATAAATAGAATAAAAAG AACTGAGACGTGTGAAAATTAATATAATAAAAAGAATTAGAGAAATA TATAAAGAAGTTGACTATGAAACATCATGG	TAT	S	15,81	224	AAGACCGATGAGGGA CCTTT	59,9	TTTTACACGCTCTCA GTTCTTTT	58,1	50	34,8	
410	BrPe3261	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 5361	3	909	923	15	5	12	TCCACATAAAGATTTACATCATGAACAACAGAGAAATGATTGGTT CTGTTTTCTGTCTTCTGTTTCTTCTCACCTCGCAGTCCAGAATCAGA GCTTCGATATTAGTCTATCACTTTTTTGTCTCGGTAAGACAACAAA TAGTAGAGAAAAGAAGAAGAAGGCAAAATCTCTGCAAGTGACAG GATATGTGCCACTCTTACTCCCTCCCTACTCGCTTTTATAAGCTCA TAAAGAAACGGAGTCGCCAACCTTTCCAATACGTGACCCGAGTAA CCCAGTTGAAAGGGGAAGAAAAAGCTGTGCAAGA	AAG	G	15,95	151	TGCTTCTGTTTCCTT TCTCACC	59,8	TCAAGGAGTGGCAC ATATCC	58,5	43,5	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
411	BrPe3262	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 5868	3	3575	3586	12	4	9	TGTGACTCTCTCAGGCAGGCCGCTTATGAGATGGAGGAGAGTTTG CAGCCAGCAAGTGTTCCTGTGAGTTTACTACTGTGGAAAGCGTGAC TGATGTCATTGAAATGGAACCTGTTGGGGTGGCAGAGAGAAGGGTG AGGTTTGCTGTTGATGATGATGAGTCAGAAACACATCCACTGCTGA TGTGGATATGCAATCCAGGAAGAGATGGAGCATCTGTTGGCAGCT CAACAGGCTGGTACAGCATTCTACTGGGCATTTCGCATGTTCAAA CTAAACAAGGATCGTCTGTCTGAAGAGGTTGGC	TGA	G	18,54	167	TGGAAAGCGTGACTG ATGTC	59,8	TGTACCAGCCTGTT GAGCTG	60	50	55	
412	BrPe3263	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 6916	3	2756	2767	12	4	9	CCGAGAGAGAAAGCGCAGCGGGCATGTGCGAGTTTCAACAAGGA AATTGATGATGTGTCAAAAGAGCGCAGTTACGGCGGTGCAAAGAGT TTGAGTGATTTGGATGATGAAACGAGGAGGGAATGAAGGAATATG GCCATACTGGTGTGAAGAAGAAGAATACCGGTGATGGAGCAACT CCGGATGGGATTGTCAAAGTATAGTAAGAAGAACGATGATTTAGAA AATGAAGTGAGATACGATAAAGCCAGGAAGGGAAGTACAGGTAAT GGATTGGTGG	GAA	G	14,16	155	GATGGAAACGAGGAG GGAAT	60,3	CCCTTCCTGGCTTTA TCGTA	59,2	50	50	
413	BrPe3264	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 7117	3	736	747	12	4	9	AGGAAGAGGGGCTGAGCAGGGCGCAAAGAATCTGAGGGAGATTG AAAGCAGAGCTGCATTAGGGAAGTATGATGTGAAGGTAACAAAA GAGTACCGTTGAAGAAATGGAAGATAGGAATGATTTAGAGTGGAT TAGGCATGAGCTTGAGAAGAAGAGTTTATTGGGAATGAAGCA GAGTTGGATGGGAAGACTGAAGAGTCAATTCATAGTGAGAAAAGGT AACGGTTTATGTTCTGAAATGATGTTTCAATATAGTGTGGCCAGGTG TTAGAAAATAGTATGACTATTGTTCTATCTCAATT	AGA	G	16,46	176	CGCAAAGAATCTGAG GGAGA	60,5	TCTTCCATCCAACT CTGCT	59,8	50	50	
414	BrPe3265	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 7472	3	1138	1152	15	5	12	GTCTGAATACATCAACATAAACTCAAGTGCACACCATACAAGTCA ACCTGTCAACTCTCACTATGAGTCATACATCACATATCATGACCC ATCACTTGGAATCACAAGGCTAGGGAGCAGCTCATATCTTCTCGG ATGAGTCTCTCATCATCATCACTGTCTCCTCAACCGTATCT GTCGGCATCTCAAAGGCTCTCTGTCTCAAAGGTGGGAGGTCTAG ACTGATGTGATGGTCTGCTTCTCATGAGCATAATGCTCTAACTGG TATATCTTAGGGAATCAAAAACAAAACAGCTATCC	TCA	G	26,09	153	ACTCACAAGGCTAGG GAGCA	60,0	AGAAGGCAGGACCA TCACAT	59,5	55	50	
415	BrPe3266	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 7582	3	920	931	12	4	9	GTCCAAAATCAATGTTTCGGATACATGACCGGCATATATATAAAAA TGAAATATGAATGATTATTAGCCAACAATGACAAAAACACTGGC TTTCTTTTGTGACGAAAGAGGTTAAACTTACACTCTTCTTTTGA GGATGCCTTGACAGCAGCAGCAGTCTTCTGCAGCCTCTTTCTCT CCTCGGTTTCTCACCAAACAGGTCCACATCATCGTCGTCGTCGA TCAACAGCAGCCTGAAACCAACATTATGTTACAAATCAGCCACAAG CAATTATCAAAATGAACATACAACAGACGTC	GCA	G	16,92	153	GCCAACAATTGACA AAAAAC	59,4	TGATGTGGACCTGT TTGGTG	60,4	36,4	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
416	BrPe3267	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 7672	3	1103	1114	12	4	9	GCTAAAGCGTCCGTAGGCAATTTGTGAAATCCAAAGATTCTGTGCG GTTGCTTTAGATTCTTCTACATCAACTTGAGAAATCCAGGTCTCAA TTCTCTATTGCAAAATTTCTCATACTCTCTTCTATCCCCACTTTTCTTC CTGACTCCACCACCACCAGCTTTGGTGTGAGCTCAAATATCTCTGC TTCGATCTCTAATGGACCCTTCAAGCCTTGACCAGACCCTTCCAAAC TCACTCTACAATCTTCCCTCACTGTGAAGCTCACAACCTTAGCA ATCTCATCCAATTTGGATATAAATTCG	CCA	G	15,71	206	CCAAAGATTCTGTGCT GGTTG	60,5	GTTTGGAAGGGTCT GGTCAA	59,9	50	50	
417	BrPe3268	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 8535	3	260	271	12	4	9	AAAGTTCCTTAAAGTGGAAACTCTGTGCTCCATAAGTATGGACCTTA CCTTGGGCTGTCAATTTGCTGTTGAAGGAAGTTCATACACTTACTGT AAGGGAAAGAAGAACCCTGCAATGAGCTGGGAGGCTGCAGCAAAT TTTGTGCTGTGACGACGAGCATTTGACCAGAGTAGTTCTGTGACAG CGCTCAAATTCGTCGAGTTTACTCGGAGGACCATCAAGGGCAGCAC CATCAGCCGACTCTCCGTGAAGAACTTGGAGTAGTAGTGCATTT TTGCTGAGCTTGTTCGAGAATATAAGCAAGGC	GCA	G	7,44	153	GACCTTACCTTGGGC TGTC	60,1	TTGAGCGCTGTCAG GAACTA	59,7	55	50	
418	BrPe3269	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 8700	3	250	261	12	4	9	TGATAAGTTTGGTTGAATTTTAACTCCCCATCAAACCAAACCTTT TCATTCCAGTCTTATTTGAGCATGTAGAATATCTCTGCTTTTACTGG CTTTGTAAAGATATCTGCCAATTTGATCTTCTGTACGGCAATAGAGTA ATTCCACTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTT TATCGATGTGTTTGTGCTGCGGCTATGAGACACTGGATTCTTTGCGAGT GAGATAGAAGACTTATTATCGACATATATTGAATTGGCCCTTCTTG TGTAAGATAAATTTCTCTAGAAATTT	TTC	G	17,41	185	CACTCCCCATCAAAC CAAAC	60,2	CGCAGCAAACACAT CGATAC	60,3	50	50	
419	BrPe3270	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 9099	3	243	254	12	4	9	CAATACATCTATGTACTATGCAAAGCATGGTCCATCATCACTCGTCC TTTCGAGTGTCTTTGTGCGATGCATCTATCCCTAAAATTTCTGTACT TGAACTATTGATTCAAACCATGTCTTCTTCATGTAACCTACCAAT AGAGTGATCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTT ACCGATTCCCGCATATCCGAGTTTCGATATTAATAATTATTACTCA CAACTTCATTCTTGAACCTCATGCCCAA	TCT	S	274,56	179	GGTCCATCATCACTC GTCCT	59,9	GATATGCGGGAATC GGTAAA	59,8	55	45	
420	BrPe3271	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 9329	3	986	1006	21	7	18	TATCACAAAAAGGAGCTGAGTGATTCCTTAGAGAATCTGGGGATA TTCATCCCGGACAATGAGTTGGCCAGGATGATACAGAAGGTTGATG TCAACGGCGATGGCTGCGTGGACGTTGATGAGTTTGGTATCTGTAC CAGTCCATCATGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGATGAGGAAGGGGAC ATGAAGGAGGCTTTTAAATGTGTTTGTATCGAAATGGTATGGGTACAT CACGGTTGACGAGCTCAAGTCTGTTTTGGCCTCACTTGGGCTCAAGC AAGGCAGGACTTCTGAGGATTGCAAGGATGATCACCAGGT	GGA	G	013	236	GACAATGAGTTGGCC AGGAT	59,9	GAAGTCTGCTTGT CTTGAG	60,1	50	55	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
421	BrPe3272	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 9576	3	402	413	12	4	9	TTCAGAATAAAAACATTATACTAGTTCGAATAGGAATTCAAAAAAT AAATTAGCACTGTAATTAAGAAAAATTTTTGATCGATTTGAAAA AAAAACATGGAGGAAAGGATTTACGTACGGGCTAAGTATTTTTTA AACCTACCCAATCATCATCATCCATCACTATCTTGTTCGATGCTG TTTTACCTTTTCGTGGCTTCTAACAACTTTAGCTTCAGCCTTTTCAT TATCATTATAACAACGTGGATATTACCTTTTTTTTTCTGTATAGGTT TATAATGAAATAAAAATAAAAATAAATGCC	ATC	S	15,72	110	CATGGAGGGAAGGA TTTACG	60,7	AGAAGCCACGAAAA GGTGAA	59,9	47,6	45	
422	BrPe3273	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 9619	3	2155	2166	12	4	9	ATTGAATAGTTCGGAATGATGAATGAAACAACTAGGTGGTTTTCA CCCTTTAGCAGTTTTCCTCGCATGCTGCTGTTCCCTCTGTATCTAT TTCGGTTAATGAATGGCTTTGTATTAAATGATTTTTATTTCTTGTAT GCAGACCATTTGTTGTGTGCTGTTGTCCATACGGGGTATACAGC TTGGTTCAATGAATAAAGTAATGAATATTCTCCAACACATGGCGAA ATCATTCTAGTTATAGATCTTTGAACTATAATTTTTATAAATGTTTC TACAGGATTGAGAATAAAGTCTTTTTTAT	TTG	G	15,6	172	TCCTGCATGCTGTCTG TTTC	60,0	TCGCCATGTGTGG AGAATA	60,1	50	45	
423	BrPe3274	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 9700	3	1410	1424	15	5	12	AATTTGTGAAGTACTGGAGATAAAGTGTACTGCATTAATGAAAGA TATCGCACTTGAGAACTGCCTTTCTCTTTATCTGCAAGTCAAGCAAG AGCTAATGTGTGCCATCATTTTTATTACAGGTACGAGATGAACTTGA ACAGTACTGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT GGAAGTTGGCTGGTGTATGTCTCCGGTTAGTGGTTCAGGTGGTGCC AATTGGTTTCTGCAATCCCGACAATTGGTTCAAAAATTTCTAGAGC AAGCAGAGCAAGTATTGCAACAGGTGCGAGGAGAT	GAT	G	15,84	156	CGCACTTGAGAACTG CCTTT	60,6	TAGCACCAGCCAAC TTCCCT	59,9	50	50	
424	BrPe3275	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 9823	3	485	499	15	5	12	ATACCATTCTAGATGGAAAAAAGGATATTGAATTTTTTAAA ACAATAAAAAATTTAACCATTAAGAAGATATTGAATCTATATATA TATGAAAGCAAGTAAAGCAATAAGAACTAATAATTTGACCTCTA TTTAAACAATGTTAAGAAGAAGAAGTAGAAGGGAAAAACCCAA ATAAGACAAAAGGATGGAAATGAACATAAATTAAGTACTGAGCTTTACT TTCTAAAATTTGGCATGATTGGGATCGTCAAAGTTTATTATATTGGG TATGATTTTGTGACTGAAATTAAGTGGGGTATGAGA	AAG	S	17,84	158	GAAAGCAAGTAAAGC AATAAGAAAC	57,2	TCCCAAATCATGCC AATTTT	60,1	32	35	
425	BrPe3276	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_6 0402	3	179	190	9	3	6	CGTCTCGCTTCAGAAATCTTCTCCACCATCGACGACGTGGCGGATG ATAAGGAGTTCGACGACTCCATCTCAGTCGCTCTTCTCTCCAAAA ATTAGCTCAAATTTCTCCGTACAATCATCGGACTCGGTAGCAGCCAA ACGCTGGAGATCATCATCTCCTGATTCTTCACAGCATTTTCTTT TACCCTAGTGAATTAGGAGAAAGCCACTTGGC	ATC	G	6,54	184	TGGCGGATGATAAGG AGTTC	60,0	GCCAAGTGGCTTTC TCCTAA	59,5	50	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
426	BrPe3277	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 0467	3	3547	3558	12	4	9	GTTTTGTCTCACTTGTACTGAAAGTTTCATTTATTTCTTTGCATATA AGTCACCACCAACATCTCCAAAAACAAACCTTATTTATTGCCAGTA TATATCAGATGCTAACTTTTTCGTAGCTTGTGTGCATATCTCACGCG TACAACACCTCTCTCTCTACTTGTCTTTTATTAGGCCCTGTAGCT GGCCACATCCCATCTCTTTCCCGCCTTTCTTTGTCCATATTTCC AGTTCCCGTTGGTATCGAGATGGGGAGGAGCCATCGAGAAACCG CTTGGTCTGTCTGCTCTTGTTCAT	CCT	G	16,26	164	TCACCACCAACATCT CCAAA	59,9	GGGAAAGAGAATGG GATGTG	59,3	45	50	
427	BrPe3278	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 0587	3	2975	2986	12	4	9	ATGAGCTCTCTGGAGGGTAAAGTACTATTGTTCAAGCTAGA TGAAGCAGCAGACATTCTGGAAACAATCAACAAGGACCCGAGAT GATGCATGAACGGCTCATTGCAATGTCCAGCACTAACCCACATGT ACTGATCTTCATCTTCTTCTGTCTGTACTGTTACTCGGGGA ATGCTCCAATGCTCTTGGAGAGTGGGAAACCCATTTTATCTTCTC CCTGGATGAGCAGAAGTGGTCTATGAGGCCAAGTGGTGAATTAT GAGTTATCAGATGATAAGGCTCTGTACCATATA	TCT	G	16,27	189	ACAAGGACCCGAGA TGATG	59,9	TGGCCTCATAGACC ACCTTC	60,1	50	55	
428	BrPe3279	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 0772	3	794	805	12	4	9	GCTGGACATCAGTAACAACCAATTTAGTGGTCCGTTTCTTCTGTG TTCTTTGTCTTAAGTCGCTCAGGTTTCTTGATTTAAGATTCAATCGAT TTGAAGGAAGCATCCCATCTCAGCTTTTCGATCTCAAACCTTGATGCA CTTTTCATCAACAACAACAAATTCCAATCATCTTGCCTGAAAACCTT TGAAAACCTTGCTGTTTCAGTGATAGTATTGGCCAATAATAACTTCA CCGTTGCTTTCCCTTCGTCTCTAGCAAATATGAGAGGGACCCCTAAT GAGATGATACTCATGAACATGGGACTCAA	CAA	G	24,65	165	GGTCCGTTTCTTCTG TTGT	059	TCCAAAGTTTTCAG GCAAGG	60,2	50	45	
429	BrPe3280	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 1121	3	1466	1477	12	4	9	AAGGAAAAATCTGTGAAGAAACAAGGAATCTGAGGACCAGCCT CGTGGAGATGCTGAAATGGGGCAGATGAAGCTGCTGAAAAAGAA AAGGCAGAAGATTCACTTCTGCTGATGTGAAAGAGCGTTTGAAGA AGCTTGCTTCTGCAAGAAGAAGAAGTCAAGTAAAGAAATGGATGC AGCTGCCCGGGCTGCTGCTAGCGAGGACGCTGCAAGAAACGCAAAG CTTGTCTGCTGCAAGAAGAAAAAGAAAAATCACTACAATCAGCAGC CTGTTCCGGTAAAGCTGGCAAAATCAAGATTTTTTTCC	AAG	G	16,02	169	AAACAAGGAATCTG AGGACCA	60,0	GCAGCTGCATCCAT TTCTTT	60,4	40,9	45	
430	BrPe3281	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 1213	3	728	739	12	4	9	TTGTTTTGTATTCAAAGGGTGTATCTCGCAGCGGAAATCCGGTCC CAGAAGGGTACTTTCAGGAGAACTTCGAGAGCAATCAAGACCAGCC TGATGAAGGATCCGATTGGACTCTTACGCGGCAGTGAACGGCCG TAGGATAAGAAGCTGCTGCTGCTGCAATGCTATTACTTGAAATAAA CTACAATCTGGGCTTTCGAAATTTTCATCCAAACAAGAAAGAAATTG ACATGACGGAGGAGGGTATTTCTGGCCAAGGATATCATAGAAGGAT TTCTCAGCCGCTTGGAGGGCTAAAGAGTCTTGC	CTG	G	10,72	171	CGGTCCAGAAGGGT ACTTT	60,4	GAAAATTCGAAAG CCCAGA	59,3	55	40	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
431	BrPe3282	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 1311	3	3959	3970	12	4	9	AAGGGAACGATAGTGCTTACGATCATTATCAACAAGAGGCCTTAT GCTCGTAGTGCACTGTCAATGGCATTACTGACCAAATTTTTTCA TTTTTAGCAACAAAAAAGCTCACCTCCACCACATGTAACAATATCCC ATTGCTCCAAGTCTGCTGCTGGAATTAGATAAGATGCCAACTTCC TGTGAACACAAGAAATGGCAAAATTAAGTACATTAATCTCCCTCA AGACATATAAATATTGCCATATGTAGATAGAATATTGAATGGGAAA CTAAACTACCATGTATGTTGACATTACAAC	CTG	G	22,11	161	CGTAGTGCACTGTC AATGG	60,5	TTTGCCAATTCTTG TGTTCA	59,2	55	33,3	
432	BrPe3283	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 2119	3	2563	2574	12	4	9	TTGCTTAGACCCGATCTGTGACATCTCTGCAACATGGGAAATGCAT CACTTAAACATAGAAGGCGTATACTAAATAAACAGTTGACAGAGGTA GACAACAGCAAAGCAAGCAAAACACGACGTTGGCTGTAGTT AGTATAATCAGCCACCACCACCAAAACAGCGTGCTAAATGGTGTG GTTCTCGAATCAGTTTGTAGGAGGAAAAATAAATCCAAATTGAG GAATCCCAAATTAACAGTAGACTTCTCATATTTGCTGTAACAA TTTGACAAAACAAGCAAAAAATACTCTCCGAT	CCA	S	14,14	214	TCCTGCAACATGGG AAATG	59,6	GGGGATTCTCAAT TTGGAT	60	45	45	
433	BrPe3284	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 2457	3	2584	2595	12	4	9	TGGTTGACTCTGGTTCTTAATATTGACGAACTATTATATTCTCTGT TCATACTTCCCAATTAATTTGACCTGGGAGGAAGAACCGAGGCTGG TAGTACTAGAGTAGGCTGAAAGCATGATTGCAGATCCATTTATGAT GATCTTGTAATAATAATAATGGTACAGGTGTTCAAAACCTCTTTCA AAATTCTCACATAAAGTGTGAGCACCATTAAGGCGATGGGATAA TTCAAATTTAAACAATATTTAATCTAAGATATGTGCCCGTTTTT GTAAAAGAAGCTGGGTTAGAATCACTGAGT	AAT	G	14,59	220	TGACCTGGGAGGAAG AACC	60,0	TTTACAAAACGGG GCACAT	60,2	57,9	40	
434	BrPe3285	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 2789	3	1680	1691	12	4	9	GTACACCAGCCATGTCGAAATAACTAGGCAAGCTTTGCCATCTCC AAGGAATTACTCTGAAACATTCTCCAAGGCTTGAAGATTGATCC CTTTTCATGATTGCAGAGTACAAAAGCTACTCTTTTCTCCAAGAAC TTGCAGCTTTTCTCTCTCTCTGCGTCAAAATGTGTCCAAGCTTTG TTAGGAGAGTCATAAATATGAAATCTCTTTTAACTTAAAACAACA AAAATTGCAAACCATTTGATTCGCAAAATCAATTTCTGATCTTTGT CTTCTGCTTCATTAAGCATTTGTATG	TTC	G	14,52	162	TAGGCAGGACTTTGC CATCT	59,8	AAGCTTGGACACAT TTTGACG	60,2	50	42,9	
435	BrPe3286	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 2809	3	284	298	15	5	12	GCAAGAGGATCCTATCTGAAGGACTCTGAGAAGGCTGAGATGTACC GGTTGCATAAGCAGAATCCCGAGGTTTACACAGTCGAGAGGCTTGC GAAGGACTATAGGATTATGAGGCAAAGGGTGCACGCCATTCTTTGG CTGAAGGAGCTTGAGGAGGAGGAGGAGAAAAGCTTGGTCAATCCCT TGGACGATTCTGTGAGCTCTTGCTCGACACCTTCCCTGAGTAAGAA CTTAATTTAGATGCTGTGATCTCGTCTGTCTGTGAAAACAATGTC AGTAGTGTGATTATCTTGCTCTGTGAGATTTTCA	GAG	G	14,05	156	GCAGAATCCCGAGGT TTACA	60,1	TCGAGCAAGAGCTC AACAGA	60	50	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
436	BrPe3287	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 3222	3	1961	1972	12	4	9	GTGTGAAAGAGGACTAATTAAGAGGAGGTCAGGAGGATAAAATAA GAGCAAATCAAAAACCTGTAATCTTCCTCAAGTCTACTGAGTTCAA CTGCTTCCTGAATATCCAATTTCCACGAAAGATGCCAACAGCAATC ACTAAAGAGTGTGCTGCTGCAATTGCATCAATTGCTGTCAGCTC ACAGTCACTGGTTTTCTTAAGAAGATCTCCATTGCTTTAACCAAGC CTTCTCTGCATGCCGCAAAGATACTTGAGTACACAACAGGCTTG AAGCCAAATCTGATTTAACCCAGTCAAGTAA	TGC	G	16,65	152	CTGAGTCAACTGCTT CCTGA	58,2	GGCTTGGTTAAAGC AATGGA	60,1	47,6	45	
437	BrPe3288	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 3389	3	3095	3106	12	4	9	TCTTGGCCCTTGAGCCAAAAATCTTCATCTTTTTTGTCTTCTCT CTATCTGACGCTAGTGTCTCTAATGGCTTCTGCGCCATCTCAGA GCTTTTGTGTATCTCCTCAAGTTTTTATTGATGACCTATAGCCGCTG CTGTTGTTGGTGGTGGAGGTGATGGTCTCTTCGTCGGAGGTTA CAGGGATCTTTAGAGAAATTTCTGTTGGCAATCTAGAATGCCTGAA GACTTTAGAATTAAGTCTTCTGAACAACCATAAGATTCTTCAGACA TATCTGGATCAACATCTTTGTGATGAG	TGG	G	21,27	154	TTCTGCGCCATCTTCA GAG	60,2	CATTCTAGATTGCC AACACGA	58,8	52,6	42,9	
438	BrPe3289	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 3400	3	151	162	12	4	9	AGTACCATGATGAGATGTCATCAGCTGAGCATCAGTCTAGAGAG AGGTCAGAGGAAGTTATACCTCAGATGCCGATTGAACCAAGTACAAG GATCAGTACGAGAACCAACAGTTGAGTTTGTTCGTGAGCTAGTGT GCCGCCAAATGTACCACCACCCTCCGGAAGCCTATGAGATGTTT CTAGCAATCTGGACTACTATGCAAGGTGCAATGAGATTGGCACAAG CACCAGCAAACCTCAAAAAACAACCTCGTAGCATGACTACGCCAAG CTAA	ACC	G	105,53	184	ACCTCAGATGCCGAT TGAAC	60,1	TTTGAGGTTTGTCTGG TGCTT	60,8	50	45	
439	BrPe3290	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 4198	3	1359	1370	12	4	9	TTCTTCAACAACCTGCATGAACAGCGGGTGGTTGAAGTACATCACA GGAATTACAAATCTCTGTGCTCCTCTCCCTGCCCCACCTTGATCGC CAAACACCCCTTGGGTACATCTCTGGCTTGCTTCTGTGTTCCTATG GTGTTGATTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG AAATTCCTCAGACTTTTCTCTCCACTACCATAAATCGTGCCAACAA ACAAAGAGAAGGCAAGAACACGAAACAAGAGAAAAAACCCAGTTT TCGTC	ATG	G	15,19	209	AACAGCGGGTGGTTG AAGTA	60,5	GCACGAGTTATGGG TAGTGGA	60	50	52,4	
440	BrPe3291	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 4353	3	209	220	12	4	9	AAAAACAAGGAGGTGAAAAGGCCAAACACTTGGAAACACCCTGT CAACTTTGTTGATTCATGTTTGTGTCTCCATTAGCATGTCATGTC TTCTTCACTTGAAGGGATTTTGCAGGCTATAGCTAGTCATGTGC TAACCATTTCCATCATCATTAATTAGTAGTAATGACCATCCTTTTC AAACCTGCCTTGTGTCATCAAATCACAAAGAATGATTAACAACA CATGGGCTCCACTAAACCAGCAATTAGCATGCTCTCTGAAAAAT GTCATAACATTGTCTTGGATTTGTCTGTCT	CAT	S	18,42	170	CTTGAAGGGATTTT TGCAG	59,7	GGCAATGCTAATTG CTGGTT	60,1	45	45	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
441	BrPe3292	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 4775	3	3306	3320	15	5	12	TTATATACAGTTGAAATGGTCTGTGAAGCCACAACCGTACATAA CTCTCCCTACCCAACCTCCCAACCTCCCAACAACACCACAACCAATT TGCCAATTTGGTAAGGGATTCCACTGCACCTTCTATGTCCATTTTCT TGCTTCATACTTCTTCTTCTTTTTTCTGTCAATTTGTGCGCCTAAA ATTAGAAAAGTTGTTAATATTGAGGGAGTGGATATCTTAATGTTTTTA AAAAGTACAGATTTTTTGTAGAAAAGATTGTTTTTTTTTCAAAAATT GTGATTATCTAGAGCTTTTTTTTTTAATAAT	CTT	G	16,51	113	GGATTCCACTGCAC CTTCT	59,1	TCCACTCCCTCAAT ATTAACAACCT	59,4	50	36	
442	BrPe3293	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 4808	3	1706	1720	15	5	12	ATGTCTCTGCAAAGGGGATTTGAAAATATTGCTCAGCATAAAGTT ACACACATGGGTGGCGCACCAACAGTTTGAACACGATAATCAACG CGTCATTAGGTGAACGAAGGCCGCTCCAGGAAAAGTGTCCGGTGT GACCGGTGGTGCACCACCACCACACATGTTCTTACAAGATGGAG GAACTAGGATTTAATGTGACTCACTCTTATGGTTTGACAGAAACCTA CGGTCCCGGCACGGTGTGCACTTGAAACCTGAATGGGCTCCCTGT CTCGGGATGAACAAGCGAAGATCAAGGCTCGTCAGG	CAC	G	16,52	188	CCAGGAAAAGTGTGCG GTGAT	60,0	GCCTTGATCTTCGCT TGTTCT	60	50	50	
443	BrPe3294	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 4885	3	2700	2711	12	4	9	TCTATGATTTTCATCCAGTTTCAAGTAACTTAATAGTAACAGTAAC GTTTCTTAATTAGAAACCAATTGAAGAAAAACAGTCTTACTGGTG GAGACCTTAAACACACAGTTCATCGTGTCCAGTCTGTAGGGCC ACAGAAGGTTCTAGTAGTAGTACTATCACCCTTTTGCAGGCTTAC TATTTGACCTACCGACATTTGAAATATATTATAGAAATATAGATAG TAATGTGTTTAAAGCCTTATCTTGTCTTGAGATGGTTTGAACCCCA AGTCAAAGTCAAGCCACAAGCCAGCACTAGCA	GTA	S	14,72	162	CGTGTCCAGTCTGT AGGG	60,6	GGGGTTCAAACCAT CTCAAG	59,4	60	50	
444	BrPe3295	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 4902	3	782	793	12	4	9	GTATGCCTTTGACGGCTTCTCTTATCTTCTATATTCTGTGTGACAG GTAGTATATTATCCGATATTCTTGTGTCCCAATAAGAAATCCACA TCCGATTCGGTCATTGAATACACGATATTTGGAGAATCACTAATG ATGGCGAGGAAGAAGAAGATGATGCTTGTCAAAGCCATAACTACT TTCTCATGAAAAATAAGAACCCTGGTCTGACTAAGTACTTCTAAC TAGCTTCTGTCTTTAAATTTGAGTGTGCAAAATCCAGCAATAAAAAGC ATATCCCAAGCTGGGCCGGAACAGACCG	GAA	G	14,78	208	ATCCACATCCGATTC TGGTC	59,7	CCAGCTTGGGATAT GCTTTT	59,2	50	45	
445	BrPe3296	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 5273	3	695	709	15	5	12	CCATGAAAATTTCTCAAACCTGAGAAGGAAAAGAACAACCTGAGAA AGAATTGAATTTACCGCTTTTACTCTTCTCGCTTGTGAAGATCAT GCACTGTACTCTCTCACCTTACCTCTTTTATTGCCTTCTTCCGCAT CACTTACCTTCTTCTTCTTGTCTCAAGGTCCTTCTTCAATG ACACGCCTACTCAAATCCCTTTGGCTCGCAACAAAACCAATATGGA GACGTTTTAGTTACTTGAACGTAACCTTGTGACAACAATTCAGGCAT AACGCCGTGATCTCAACGAGAAAGAATTGA	CTT	G	15,32	167	TATTGCCTTCTTCCG CATC	60,2	GGCGTTATGCCTGA ATTGTT	60	45	45	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
446	BrPe3297	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 6375	3	570	581	12	4	9	TTGTTTTGGTGGTGATTCTGATCTTAACCTGTGGTGGGGTTTTGTAC GTAAGTAGGTTAGGCGTAGAGTTGCCTGCAAAATGTCACTTGGCTGT GTACTTAAAGTTTGATTCTGACTTGTAGAGTTCGACGGAGAGTGAAA GGAGTTTGTGTTGTTGTTGGTTCGTGATGGGGAAGGGTTCCAAGGT CAATTGTAAGTCTGCATCTCATAAGCTCTCAAGGACAGGGCTAAG AAACGTGTTGATGATCTACAAGGGATGTTCTTGGATCTGCAGTTTG ACGAAAAGAGAGCCGCAACATCGATGTGGC	TGT	G	14,82	215	ACCTGTGGTGGGGTT TTGTA	60,1	CACGTTTCTTAGCCC TGTCC	59,7	50	55	
447	BrPe3298	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 6387	3	706	717	12	4	9	TGAAAAGTACATGATTGATTTTACCTTTTGTCTTACCACCTTTGTCA ATATCATTATAAATTTTCCATTGGATGAACCTTGTATTTTGGAAACC TTTTGGGGAGTTGATTTGATCATCTCTTTTCTCGGTATTTGATAA TTGTTATCTTCTTTCATCATCCATACCTGAGACATCTCTTCTGG ACAATGCAGGTTAGTCTTATCAACAATTACAAATGTGTAATTTGCTC TCCCTAAGCTAGTTATAATTATTGAGTCAAAATAAAGATGTAAT ACATTTCTTGTATTTTAAACAATTCAA	TTC	S	54,69	158	GGAACCTTTTGGGGA GTTGT	60,2	GCTTAGGGAGAGCA AATTACACA	59,8	50	43,5	
448	BrPe3299	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 6982	3	477	488	12	4	9	GTTTGTGATGGGGATGTCAGGCATATCTTTTGTGGACGACATGTA GTTCTGTATTGGAGAACAGTTACCAAGAGATGAATTATAACATTTT GTGAGATTAGTATCTTTATTTCTTATTAAGTTAGTGAAGAATCAACT TATGGTTACATGATGATGATGTGCTTGCAGGGAAGTAGTCCATGAA GAATCTGGTCATGTGCTGAAAGTTCCATTTAGACGGGTTCAATTTGTC TGGTGATGAACCGAGTTTCGATAATTATGATACCAAGTGGTCTCAAA ACATCAGTCTCGAACAGGTATACATCTCAA	ATG	S	16,96	217	GGCATATCTTTTGTG GACGA	60,0	CCAGACAAATGAAC CCGTCT	60	42,9	50	
449	BrPe3300	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 7121	3	186	197	12	4	9	GAAGCAGTATTTGCCCTACTACACTGCGCAGGAGCAGTGGATGGAC CATTTTGGTGACAAGTGGGACCTGTTTCCACAAGAGGAAGATGGAAT TTGATCCAGGGCATTATCAACCGGGCAACGCATATTCAAGCCG TCCTTCGTTTCTGATGATGATGAGGTGGCAGCATCTTGATAAATGGC AATGATAGGATGCATAACATAACTCGCTAGGAATAATCTTGT GCATATAAGGGACGACCAAAAATAGTAAGCAATCGATGAACCAATA ATGCCCAATGAGTGGAAATGGAAATACCCAAA	TGA	G	13,52	250	GGATGGACCATTTTG GTGAC	60,0	TTGGTGGCATTATTG GTTC	59,8	50	40	
450	BrPe3301	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 7356	3	227	238	12	4	9	GGAGCCCTTGAGGCATAAAAAGTGCAGCGTCATAGGCTTAGCGGCA GCTTCAGGTGTAAGAATAAGAACCTAACCAAAATCTGTTTCTGGTT TGGTGCTCTTATCTCTGACACCAAGAACCAGCTTCTCATCTCA CTCCCTGTACTTCTTCTTGCATGATGATAGTATGAGGCTGAA GATGTGGATGATGCCATTGCCCTGGATGTCTGTATAACTGGATCTT AGGCTCAGTCTTACCATTGTGTAGATAACACTAGCTAACAAAGAT ACAATATATATATATATAGAGCAATCAAA	CTT	G	15,75	178	AGTGCAGCGTCATAG GCTCT	60,2	CATCCACATCTTCA GCCTCA	59,8	55	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
451	BrPe3302	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 7402	3	1760	1771	12	4	9	AAGGAAGTGTCCGCAACACGTGCCAAAGTAGAATCTTCTTGATTG GCTTCATTTTCTCGATCAATTCGCTTCTCACTAAAATGGTTATTGATC TCTTCTCGATCAGTTTGATTAGCAAATCGACAATGACCATGCCTC TTCTAGTTGTTCTTCTTCTCATCTACGTCTTGATCTAAGGCAGAGTC TGAATCTTCTAATGGGCAATTAGTTCCCATTTCTAGCCGACTGGAA AAAATGTTCTGTTGCTCCTATGGGAAAACAAATCCAGAAGTGGTTT ATTGCTTTTATGATTATAATTCGCAITTA	TTC	G	14,77	249	GCAACACGTGCCAAA GTAGA	59,9	TCCCATAGGAGCAA ACGAAC	60,1	50	50	
452	BrPe3303	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 7991	3	1129	1143	15	5	12	GCTACATCCACACCACATGCTCACAGCCCCACCTACAACCGGACA GCACAAGGCCAACTCATGGAGACGTGCAATTCTGATTGGGTGTGTTG GGTATGCATCACCCATTTATGATTCAACCATCCGTCAAAGTATTGA TTATTCGGTGTATTATTATTATGGAATAATAAGCAAGTAACTTA CGTGTTAGATTTTATTCCCAATTATTCTTAAAATGGGCAGCAGA TCCAATTACCTCCTAATTGTCATTTGCTTCCATAAGCCTAAGACGT CATCCGTTACGCTACGCATGTTGGGTGCTCGATT	TAT	S	14,43	188	CTCACAGCCCCACCT ACAAC	60,6	TGGGAAATAAAATC TAACACGTAA	57	60	29,2	
453	BrPe3304	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 8009	3	1750	1761	12	4	9	TAAACAAAGTCTGATTCTACTCATTAGTGATGCTTAAATCGAATCGG TGTGCTGTAGTGTCTTCAGGTTATTGGTACGTACGTATGTGAGCT GAAGAGCATCAAGACATACCTGTTTCTAGCATCTCATGCAGTTTG ATGATAGTGTCTTCTTCTCTGTTGAAATTTCTCGTTAAGATCA GGCCGCAAGTAATTTATCCATCTCAGTCTGCAACTCTTT	TCT	G	15,96	164	TAAATCGAATCGGTG TGCTG	59,7	CTTGCGCCTGATC TAAAC	59,8	45	50	
454	BrPe3305	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 8226	3	261	272	12	4	9	TCCTCCAAATGACTCATCACAATCGACCTTCTTCGCTTGTCTTCAA CTTCATCTTCTCCACTCGAATAGTCTTGTTCCTTTTGTGGAAGTGGAG CTATCAGTCTCCTGTATCCGCATTGAGTTTCTTGGCTTGTCTTGGC TTTTATCTCCTCCTCTTGTGACAACCAACAAGCCATTTCTGTGCAT CATCCCACTTGAAGGAGTTGGCTTCCCTAAGGCTGTACGATGGCC AGAACGACTAGCAGCACTTACTTTTGTGAAACTCAAAGCTAATGGCG TTGCTACTCGAAATCTCCTGAACTGGAC	CTC	G	15,11	162	CGACCTTCTTCGCTTG TTCT	59,6	AGAAATGGCTTGT GGGTTG	60	50	45	
455	BrPe3306	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 8689	3	252	266	15	5	12	AACTTAGACAGTTAAGGCCTGATGAAAAACCAAGAAAGTCTATAA AGAATGATAGGGCCATAAGATGAGAAGGTGAGCAAGCCAATTAAG GGAATCAATAACATGTAAGAGCTGAACCCGATGGAATGAATGCA TTCCATGAATGTCGATGATGATGATATCGAAGGAAGTGAAGGC CTATGATGGCAGCTTGGACTGAATAAGAGTAAGCATCGAAAGCCAG GTAGATGATAAGGATCCGAGTGGTATCCGAGTGTGTTACCTG TGTTAAAGGTGGACTAACCATTAACAACAAAAGAAATGAAAA	GAT	S	24,67	219	GGCTGATGAAAAAC CAAGA	60,1	TCTACCTGGCTTTCG ATGCT	60	45	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
456	BrPe3307	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 8882	3	448	462	15	5	12	TGAATAGCCACATGAGGATGCAAAGATGACCGATGTGGCCAAAGTAT GGAATTCCAAATGATATTTGCTTGCCTGGTAAATGGTGTAAATCTTA TTGGTGAACAGAGGGAACTGAGCTCGAAGCGTTGGAATCTAAAAG GAGATTGAACTAAGAAGAAGAAGAAGCATAAGTCCCTATTTTGTCTC CTGGTCACCCCAAAGTGCTATCGATCGAACAAGAGAACAGTGGATA AAAATGAGTCTCCGTGGAGCATACGAAAGAAGATGCCGCTAATG ATGGCTCGAAAAGTGTGTGGCCATGATTGAAAAAG	AAG	S	27,44	237	TGCCCGGTAATGGT GTAAT	60,1	CATGGCCACACAAC ACTTTC	60	45	50	
457	BrPe3308	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 9662	3	1108	1119	12	4	9	AGTAAGGGACAGTTGCTGGTGTGCAGATTTCTGACAAAACACAAG AATATTGGACCCACGGATTGTGTATCATCTAGAGTTTCTGCTAG AGTTCACCAATGAGATCCACCAGGAGATTTGCTCTGATGATCTGA AAATCTTTAGTATTATTATATTAGATTACATCAATAATGCACAT TAAAATGCTTTTGTCTTCAACTAGACTGCATTTAGAGGACAAAAAA CAGGTATATGAATTACAATTATGATTACCATCCGCGCTGGAGGAG GTAAGCAAAAATCACTCAGTCTTTTCACTA	TAT	S	16,39	189	AAGGGACAGTTGCTG GTGTT	59,6	TTTTAATGTGCATTA TTGATGTAATCT	57,5	50	22,2	
458	BrPe3309	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 9682	3	939	950	12	4	9	TAACCTATCCGTTCCCTCTTCTGTTTCCCTCGTCCGCGTAAAAC AGAGATTCCAGTCCGGTACGGTAAGCCGTTTCTCTCAGATCCGA GCGAGAGAAAGCGAGGCTAGAAGGAAAGAGAGGGGAAAAGAAAC CATGAGCGGAAAGGAGGAGGAGGCGGAGTGGGGCGGTGAGTTA CAATAATGGGAAAGCTAATAGTGGCATAATCGGGATACCGCGGGG TCGAGGAAGATTGTGCAGAGCTTGAAGGAGATTGTTAACTGTCCCG AGGCCGAGATCTACGCTATGCTTAAAGAGTGCAACAT	AGG	G	13,71	164	CGAGAGAAAGCGAG GCTAGA	60,0	CTCCTTCAAGCTCTG CACAA	59,3	55	50	
459	BrPe3310	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_7 0044	3	703	726	24	8	21	GGTAGTCAAACGGTATCAAAAACAAGCACCAAGGGGAAATAAAAG ACCCATGCACACACTGTATATGCCCTTTACATTTGCGCACAGCACAG ACCCACCTCGCTATGTTTTTTGAAGCCCTTGGTAACATAACCTT CTCTTCTAGTTCCTCCTCCTCCTCCTCCTCCTCCACGATCCAAATCCA GTCCTGCCGATGACGACAACAAAAGTAACTTTCCTTTTTTCTCTTC CTAGTTGACTTTTTATGCCTCTATAAAAAATCTACTGCAGATCCAAA AGTTTCAAAAACAGAAAAGGCTGACGAGTGAGCGACTGACAGCT	TCC	G	11,61	195	GCCCCTGGTAACAT AACCTT	59,3	GCTCACTCGTCAGC CTTTTC	60,1	47,6	55	
460	BrPe3311	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_7 1314	3	2030	2041	12	4	9	ATGATATAATGAGAAGAGGTTTTAATCTCTTCTTCAAACCTCTGAA GAAGAACATGGCTTTGCAAGAAGAGGAGACCCAGCAGTTTCAACAG AGCTCATCGGCATTGGTTTTTGTATGGGCTTACTGCGAAGAAGACAG TTTTGAGGTAGATGATGATGATAAGAGTGAAATCTGTGTTTCAGCATG CGAGAAAAGAGTCTTCTTTGTCTTCTGTTTTGTCTCGAACAAGACTTG TTTTGGGAAGATGACGAGTTGAAGTCTCTAATCTCCAAGAGAAAAG ATACCCATTCAGTTTTGATAATGTAGTCTCT	GAT	S	16,49	181	AGGAGACCCAGCAGT TTCAA	59,8	TCGTCATCTTCCCAA AACAA	59,1	50	40	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
461	BrPe3312	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_7 1351	3	2460	2474	15	5	12	AAAAAAAATCAGAAGAATCTGAGAGAGAGAGGAAAGACCAGATGA AGAAGAAGAAGAAGAATTCCTGCGCCAGAAATGATCCCACCACTCC GAGTCAATGGCGTTAGGGTCTACGGGAACGGTGTATGGTTTGGCT CCTGTTCTTGTGTTCTCTCTCTCTCTTGAGTTCTTTGAAAGCTAGTTA CTTTCTTGGGCTCTTTGGAGAAGCCATTATGTATCCAAAATCGAA ATCTTCAGATGGGAGCTCTTGATTGGGTAGTAAATCCCAGGGGAAG AAAAGCAAAATGCGGTAACCTGCCTGATCGGTAAA	CTT	G	25,23	161	AACGGTGCTTATGGT TTTGC	60,0	TCCCTGGGATTTA CTACCC	60	45	55	
462	BrPe3313	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_7 1694	3	928	942	15	5	12	GGTGTCTTACTGGTTGTTTACCACCCGGTGTGCATCAGTTATGCTCC TTATTTTCGGAGTTATTGGCTCTGTGTCTTGCCATGAGTGCTATCA ATCAAATATCACGTTTCTTCTCGAAGTTCCATTTTCTCAATTAATG GACAAAATGCTGCTGCTGCTGAGGAGAAAGCTGAGGGAAAACAATT TGTGCTTGCGGGGTTTCATTTATAGATGTGTAGGAGCATCGCAAT GCTTGTGGGAGATGAATCAAAGTGGTTCAAATGAGCTGGCATGCAT GGCTACATTTTTTTCTGAATGTGAAATC	CTG	S	15,37	172	TGGCTCTGTGTCTTG CCTA	59,6	TTCGATGCTCCTA CACATC	59,8	50	50	
463	BrPe3314	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_7 2044	3	190	201	12	4	9	AGGTAATGGCCCAAATAGCCAAACCTTGAAGCTACCGATGCCCC GATGTATCATCTCAGCAGGCTGTACATAAGTGTGCCAGTGGCTCCC CCAAATCACCTGAGATAACAGGGCGCCAGCCCCCTGGCTATCCAC CTGAGATCCCCTCATCATCAGCCAAAGAAATCGTAACGTATAG AAAATGCAGGTATCCCCTCTCGGATCCTGAAAAATGATACAATACTCT CATAAATCCATATACA	TCA	G	116,13	206	GCCCAAAATAGCCAA ACCTT	60,3	TTCAGATCCGAGA GGGATA	59,6	45	50	
464	BrPe3315	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_7 2204	3	1016	1027	12	4	9	TAATCATACTTATAAAATCCAACCCTCACTTATGTAAATCCACTAA TTCACATTTCCCTGCACAGAAGTCCCCAAGATAGGGGATTTGATATG CAAGAGAAAAGCACAAATCAATGCAAAGTTGTAAATCCGCAAGAAGT AAAGATCTCATTCTTCTTCTCAGTATCTTAAGCCTCATCCGGAAAA AAAGCAAGGCAAAACCAAGATATCCAAAGTGAAGTATGTCAAATTC AAGTGTCCCGTGATTAAGACCAAAAGCAAGAACAAGATCCAGTAGG TGCAATAACTGTACAGCCTCAGATAGTCAAGA	TTC	G	16,09	170	AAAATCCAACCACCT CACTTATG	59,3	CCGGATGAGGCTTA AGATACT	57,5	39,1	47,6	
465	BrPe3316	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_7 2265	3	174	185	12	4	9	CGTAAGAACAGCTTGAATCAGGGTTTACCATCCATCACAACCCAGC CGCCATCTTTAGAGGTTTGGCAGTAGCCATGTGCTTGAAGCTGTGG TGACGCCAGAACTCAGAGAGTCTATAATCCGAAGTTGGAGTTTGG GACTTGGAAAGAACAACAACAACGACAACCAATCTGACATGCAAAA AGTTTTTAAAGAACCAAGTTGAAGATATGAAGAAACCGATTAATC AACTCTGG	AAC	G	10,97	170	TGAATCAGGGTTTAC CATCCA	60,2	TGTCATGCAGATT GGTTGTC	59,6	42,9	42,9	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
466	BrPe3317	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_7 2425	3	702	713	12	4	9	TTGATCACAACTGTCAGGGATTATTTTATCAACATCAAAGGGGGCT GCTGAAGTGTCAAAGGCATCTGACAAACAGAAAGTCTGCATCAAA ACATTACTTTGTTCTTCTGAAGGTGAAGGAGCAAGAACAACAGGTC TCGTGTAGTGGTGATGATGATGACCTCGATTTCTGAGTGATGGGGCA CTGCTAGGAGTTGGCCATAGGCTGAAATAGAAAGAGATGATGCTA GTATTCTCAATGATGTACTGGAAAAATCATCAGACGTGATTATAATT CATAAGTCACTACCTTGATGAGTTGGAGGAGCA	TGA	G	16,2	188	GCAAGAACAACAGGT CTCTGTG	60,9	GTCCTCCAACCTCA TCAAGG	59,8	52,4	55	
467	BrPe3318	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_7 3180	3	1169	1180	12	4	9	TCTCCACTCTCCTCAGGACTTGGCTCTGAATGGATTGTCCTCGACC TAACTCTGGGGTCTTCCGTTACTGCTGGTTCCTTGAAGCACAATCT CATGTGCATGAATGCTGTTGCCCTGAAAGATCAAGCGATAATGTTG ATTTCCCTGGTGATGATGATGAAGTTGCCACTATTTGCTCGACGGAG TTTCGCTGGTGTGATTTGTGTGTTGTTATATGCACAATCTGTTCTA CCTTAATACCATCATGTACTTCTAATCAACTAATCTCCTCCATGTT TCTTCTTCTTTTAGGCTACATCGGATA	TGA	G	23,79	160	TCTGGGGTCTTCCGTT ACTG	60,1	CACACAAAATCACA CCAGACG	60,1	55	47,6	
468	BrPe3319	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_7 3685	3	1665	1676	12	4	9	AGTAGTGGCTGAAAAGAAAAATGTCTCAAAACAATAGGAATGGAG CCATTATACCTCTTCTGTATCTCGTTCCCATATATTTGTATCTA AAAGCCTGGCTCAAGTTATTCGCTAGGGCTGCTACATCGTAGTCTCT GTCATGAAGGTCAATCATCACTATCCTTGGTTCTATCTTGCAATG CTGTTGGACGGCTGAAAAAAGGAATACAAAAGCTTAGCATCCCTG ACAGTAACAAAAGGATAATAAACCTAACCCAAGTCTAAAAGATTA CTTAACAGAATAAACCTGCGAACTTCCCCTCAC	TCA	G	16,84	197	TTCGCTAGGGCTGCT ACATC	60,5	GGGGAAGTTCGCAG GTTTA	60,3	55	50	
469	BrPe3320	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_7 3698	3	1358	1375	18	6	15	ACTTCAAAAGATTCAAGAACCATCTAACAGTTCCTAGTCCCTCCTC TGGTGAAGTCCAATCTTTTAGTCCATTGAAATTCGCATACGAGGTGG AGGAGGCATTTGCACTGCTGAGAATAGTCTCAATTATACTCTGCA TCATCAAGAGGTGGTGGTGGTGGTGAAGAGAAGTCCCTTCACTC CAACTAAAAGTATGGCTCGAGAAGCTTTCTTAGTGGGTATTCGGA CTACCCCAATTACATGTGCAACACGGAGTCTTCGAGGGCTAAACTT AGATCTATGAGTGTCCAAAACAAAGGCCCCAGTATGAG	GGT	G	16,78	173	CCTCCTCTGGTGAAG TCCAA	60,2	GCTTCTCGAGCCAT CACITTT	59,6	55	50	
470	BrPe3321	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_7 4061	3	152	163	12	4	9	TTTAAATCCCTCCATGGAAGCTCATTAATCCGTTTCAGCTTTAAATTT GCACCAAATCCATGTAAGTTTATGACTGCACACAACCTGCTAATTCT GAAAAAGCTCGGGCAGATGTGCATTCGCAACTTAGTCTCTTACTG ATCTCATGCTTCTTCTTTGTCGTCCGCCCTGGGGCTAATGCCCTGC ACCTGGGCTCGAGCCCTACGCTTGGCAGTGTGGTAGCAGGCTTCAT GCCATTCTCAGCAGATATTCTCTATGTCACAAAATCAGCGGTA ATTCAATTTCCCGAAACAGTAATTTTCAG	CTT	G	139,33	245	CCCTCCATGGAAGCT CATTAA	60,0	CTGCTGAAGAATGG CATGAA	59,9	50	45	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
471	BrPe3322	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_7 4119	3	673	684	12	4	9	CAGATATCACCTTGGATATTGATCTTTGGACTTGCATTTCGTCTTGGTTGAAAAGTCTTTACCTGCTATGGGAGAAAACAGAAAACACCCCTTCCACCTCAAAGAAGGGCTGCTGGAAGGGAGATCTCAAGAGATAACCTGGTCTTGATGATGATGAAGACTCAGCAGAGCAGGAGACTGGAAGTTCAGAGGGCTAGTGATGAGGTGTGGCAAACAGAAATA GTGAAAAGTTCGTCGTAATCAAACCATCAACTCCTTCATCAAATCCATTTGCTGGAATTCGCTCTGCTCTCCTGCTGA	TGA	G	14,81	210	CACCCTTCCACCTTCA AAGA	60,1	AGACGAATCCACG AAATGG	60,1	50	45	
472	BrPe3323	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 11777	3	361	372	12	4	9	AAGATTGAGTGAAGATAAAGTCAAACAGTGTGTAGATCCAAAGCTGAAGGGGGATTACCACCTAAGGAGTTGCCAAGGTATATTCTCTGCCATATGTTGTGTAATTATTCAGCATTTCAGTTTCCATTGATATTGGTTATTTTCGTTGTTGTTAGCAGCGGTGGCAGCATTATGTGTGCAGTATGAAGCGGAGTTCGGCCAAATATGAGCATTGTTGCAAGGCTCTGCAACCACCTTTAAAGTCTTCAACAGCTCCTGCTCCGGAGACGACATAAAGCAAAGAGATTGATTCCTCGTGTG	GTT	G	15,56	196	AAGGGGGATTACCCA CCTAA	59,5	GTTGCAGAGCCTTG ACAACA	60	50	50	
473	BrPe3324	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 17169	3	1949	1960	12	4	9	AACATATCCTAGCAATTAATGTTTGGAAAAGAATCTCAAAAACAATTCATGGACTGAATCAGGTAATAGAGGTTTACTCTGGTTCAACAGTAAAGTTGTACATCCGTAATCCCGCAACCTCCACCTCTCGCCATTCTGGACAAGGGCACAACAACACATGAAGTGTGAGAGGAAATCATCTACAAAGCCCGCTGCCAATATATAATACGCTAAGAATAAAAGAA TTCAAGAAAACCATCAAGATTAGAAGTACATTTCCGATTTAAACCCATTGTTCAATGTTTTTATGTTATGTACAGGTAAT	ACA	G	18,09	181	ATACCGTAAATCCCG CGAAC	61,1	CAAGTGGTTTAAAT CGGAAATG	58,5	50	36,4	
474	BrPe3325	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 29553	3	2988	3002	15	5	12	TCAGCACGCACAGAGCTTGAATTCATTCCAGTAAAAAGCAGTCAATAAATTGTCTCAGAACATCACACCTTTGTCTTGAAGATATCTATTACTGACTCCATATCCAAATAAGACCTCTCTGAGCCAGATTGAGTTCCATCTTCCACTTCTTCTTCTTCTCGAATCCACAGATTGTGCTCCAGATTTGTTAGAAATACCTCCAGATTGATCAGCAGTTCCACTTTCTGAGACTGATCATCTTTCCAGAATAGAATGCCAGATTAGAAGTTGAGAGTCTGAACAACAGACTTTCACCGAAATAA	TTC	G	14,34	188	CTGAGCCAGATTGAG TTCCA	059	CGGTGAAGAGTCTG TTGTTCTGAG	59,9	50	50	
475	BrPe3326	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 32368	3	3485	3496	12	4	9	TTGTGCTCTAGTCGTTGGCATAGCAACGGAAGGTTGGCCTAGGGGTGCCACGATGGACTTGGAAATGTTGCGAGCATTCTGCTTGTGTGTTGTACTGCTGACTAGTGATTATAAGCAATCTTTGCAGTTCAAAGATTGGACAGGGAGAAGAAGATAACAGTTGAGTTAGTAGAAATGGCTTGAGGCAGAAGATCTCGATATATGATCTCCTCGCCGGAGACATTGTCATCTTAGTATTGGAGACCAGTCCCTGCAGATGGACTTTTTCTTTCAGGGTTTTCTTTGCTAATCAATGAATCAA	AGA	G	14,18	201	GAATTGTTGCGAGCA TTCTG	59,4	CAGGGACCTGGTCT CCAATA	59,9	45	55	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
476	BrPe3327	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 38769	3	205	216	12	4	9	TACTTCAAGCACAGCCTCTGCGCTAGAATACATCTCCATTACTTTTCG CAGCAGACTCCAAAATACGATTCCGAGAAACACGGACTTTCTGACG TTGTAGCCTTCCAACCTTACCTCTCTTTTCATTAGCTAATCCATGACC ATCAGCACCTGTGCTGCTGAAGACGATACAATGCCCGAGACAAA CCAAA	CTG	G	10,47	150	TCTCCATTACTTTTCG AGCA	59,6	CTCGGGCATTGTAT CGTCTT	60,1	45	50	
477	BrPe3328	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 85703	3	325	336	12	4	9	GGAGTGGTGAGAGAGGATATTCCACTCGCTGAAAAGGTTAATATGA ATGGCGGGTATTTGGCGATTTATCAAGGTAGCAGTGAATGGTACT GGCTTAGGAATCGGATTCAGCAGAATAAGGGTGGTGGATTGAATA ATGTTAGCATCAATAATAATAATTCTAATCAGATTTCTTTACAGTCC TCGAATTTGCCTTTGAATGTCAATGGGATTAGATCAAGCCAAGGAC AGGTACAGCAGCAGCAATATATCCTAAGCAGCCTAATGTGGGATA TGTGCCCCAGATACCTTTGCAAAGCAGTCTGGG	AAT	G	9,13	185	TATTCCACTCGCTGG AAAGG	60,2	TCAAAGGCAAAATTC GAGGAC	60,2	50	45	
478	BrPe3329	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 95514	3	154	167	21	7	18	GATGAGCAGTTGCGGTGCCTATGCGGTCTCGGATTTGATGCATGGTT AAGGCACCCGCCTCTAGAACGTAGGTCAATATTCCAGCGGAGATGA CTTCCGCATCCATCTGTAGCGGGAAGCAATATAGATATGTATGTGT GTATATAAATAGAGAGAGAGAGAGTTTGAAGAGGGACATGATGAA TGAAAGAAAGAAGAGAAGGATTAGAAGGTTGTAGGCAGCAAAGTA CCTGAAGATCAGCAAGGAGAAGAGCTAGGGACAAGGCCTTGAGAGA GAGGGAAACGACCATCAGGGGACAGGGCAGGTCCTGAA	AG	G	7,68	158	CTCGGATTTGATGCA TGGTT	60,9	TTCATCATGTCCCTC TTCAAA	58,1	45	38,1	
479	BrPe4001	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 65	4	3399	3410	12	3	8	CAGACTATCCACTTTAAGAGCTTCCACAATTACTGCAAGAACGA CTTCAGGGTCAAAAACAACATTCACCTAATAGTCTTTTCTCTCTTCC ATCTCAAGAGGTTCAATCTACCAAAAATAGAAACAGGGCTCTACTT TCACTGCGGAAAAATAAATAAATGTAGTCAATTTTACATTGACTGAA CTTTCTAGCCCAGCTACGTAGAAAGATCAAAGATGAGTCACTACTC AATAGAGACCTAAGTCAAAATGTCAACAATTCAACCATATCAAACT TCCTAGACAAAACAAAAGCAGCGAAGTTCAAAAA	AAAT	S	15,55	185	AACAGGGCTCTACTT TCACTGC	60,0	TTTGAACTTCGCTGC TTTTG	59,2	50	40	
480	BrPe4002	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 67	4	1362	1373	12	3	8	CTGCAATCGATACCATCCACAGATAGGTTTGGGAAACACACGGAT CGCCTTGCCAGTTCCTGTTTATCCATACACTGACTTGATATTTGCGA CAGCATCAACTAAAACATTCATACAGATACATACAAGCAGCTCGTG GTCAGGAATGATTAATTAATTAGTCTAGTATATATAACAGTACCAAG ACATGCGAGTTTCAAAATCAAGTATTACCATCCTTTTCACTGTGTTCA GACTCTGAAAGCTCAACTACGTAATAGGCCTCAATTGCATTGATGA GAGGTGGAAGGGTTGAGCCTCCAGTTTTATAG	ATTA	S	24,73	163	TACAAGCAGCTCGTG GTCAG	60,2	TCCACCTTCATCA ATGCAA	60,2	55	45	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
481	BrPe4003	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_3 062	4	805	816	12	3	8	TCATAAACTTACTTAAAGTTTATTAATGATTCAAATGTGATTGGTT ATATATATATATGCACTTTTGGAAATTCATGACCAAAAACAGAAAAG ACTGGTCGTTCCCATAACTAAAACAACCAACAACCTCACCACCTT TGACCAGAGACTAGCTAGCTAGTAACGACTCCATCTCAGTTTCTTAT ATTCTTTGATATTTAAAGGTTGAGTAGTACAAGCCCACATGCATTAC CATCCAAATTAAGTCCATATCCCAATTTAAGATTCCCAGGAAGAA CACTAAGCACCAAAGTCACAAGATGTTGAAG	CTAG	S	18,33	175	TGGAATTGCATGACC AAAAA	59,9	TGGATGGTAATGC ATGTGG	60,2	35	45	
482	BrPe4004	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_3 283	4	214	225	12	3	8	GCATCCAACCTCTGAGATCCTATAGCGATTTGTACAGICTCATTTTT GAAGCGATTGTAAGGTTACAGTTTGTAAATATTATTGTTTGGAAAGG GTGAAGTGAATCATATTTATATGAGCAAATGCAGGTTAAACACTTTG GAGTACATGATGGATGGATGCTACTTTTGTATTGTTCTAAGC ATGGTTTTATCATATTTTCAATAAAAATTAACCTGTTCTCTCTAG CTATCAAACCTTTTATGGCAGCGTAAGTAAAAACACTCAATTGAGT AGATTTATATATATTTCTCATTTGT	GATG	S	19,06	179	TGTTTGGAAAGGGT GAAGTG	60,0	ACGCTGCCATAAAA GGTTTG	60,1	43	45	
483	BrPe4005	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 148	4	3630	3645	16	4	12	GATATGATGCCACAGTCTAAGTCTTCTCTAGTCTGGTATTTCTT TGAGTTCTTCCACTATTACAATTTACACGICCAAGAAAGTTTGTGTC CACTCATCTGCAAATCATGGCAGTAACCTTAAACAAATCTCCACT AAAAGATGATAAATAAATAAATAATTTGAACTATGGATTTTTATTG CGTAGCGATTTGCAGAAGAACAATAAATAACCTGGGTAGATTTTTT GCAAGTAAAATAGGATAGAAACCCATCTTCATTTGGAACCTCCAG ATCCCGAAGGGAAAACAACACTTCTCTGTATAAT	ATAA	S	18,65	197	TGCCCACAGTCTAAG TTCTTCC	60,7	CTGCAAATCGCTAC GCAATA	60	50	45	
484	BrPe4006	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 670	4	1659	1670	12	3	8	TCATATCGTGGATATTGAAAAGCTAAGTGCTGCAATCTGCACTACAG AGCTACACGCAGTAAATGTCCTGCGAGAGCTGTGCAATAATGAAAA TAAATGCTGCGATGACGACGAGCCAATTGCCAAGGGAGGGACCAAC CCTCCATGCCAACTAACTAECTCCCTATACATCTCTCCCATGTTAA TTAGCTTCCAGTTCTAGCAAAGCGTGGAAAGGATTGTTGTATCCAAAA ACTGTGCAAGCGAGGCTACGTAAGTCTGCTATCTTCTAATTTGTTTCTT TTCTTTCTTTTCTTTTTTTAGCAGATG	AACT	G	16,51	172	TGGAAATAATGCTG CGATG	59,7	CCAGTACGTAGCCT CGCTTC	60	40	60	
485	BrPe4007	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_8 639	4	2687	2698	12	3	8	GGAACAGACCAGTACTGCTCTTGGTCTTTCCTTGATGTAACCTATGG AAAAAAAAGTTTATATGAATGGCAGGAATACGAGCATAAGATTTC ACAAGATTCATGCCCAAGCTCTCTATCACTTACTTCTTGCAAGAA GTCTGCAACATCTTCTTCTGACATGTAAACCCCATCGATGAGA AGAACTCAAGAGCAGTTTACAGTGGTCTTGGTATACAATCTGGCCC TCACATAGAAGAATTATATCATCAATAGCTCATAAGTCTCAGGCG CAGGCTGCAGCAAAGAGATCACAGTAGTGCCA	TTCT	G	17,44	151	AATGGCAGGAATACG AGCAT	59,6	AAGACCACGTGAA ACTGCT	59,8	45	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
486	BrPe4008	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_9 810	4	228	239	16	4	12	ATCCATCAGTTTATTAGTTAAACCTTTCGAGTGCCTACTAAGTAAA TCCTCAACGACAACAAACCGCACAGGAGATTTGTACGGATTAAC CAGTTTAGGTTATTTAATAGTCCACTTTATAATTTGAAGATCGTAA AATTTCCACTCAATCAATCAAATCAGTTAAACCTTTGATCTAAGC ATTGAAATAGTTAGGACTCATTGGATGTTGAATCGAATCCTTAAAA CTGTTGAGATTGATTTACTTTTGTGTTAAAAACATCAAAAAATCTCG AGCAAAATAACATTGATTTTGACATGGTATT	TCAA	S	17,74	163	CAAACCGCACAGGAG ATTTT	60,1	TCGATTCAACATCC AATGAGTC	59,9	45	50	
487	BrPe4009	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 2842	4	195	206	12	3	8	GTACCGAAGGTACGCAAACTCACACAACGTAACAACTCTCAA GAACATCTCCAATTACTCCGGGTTTGGGAATTATGCTTACCGTCAA ACCTTCAAATGCCACGTATGCATGTGACACCCAAATCAAATCGA AAAGGCGACTCCATGCATGCATGATGCTCATGGACTTAACCCAA CATCTTAACTCAAAAGGTCAACACTAAAGAAAATCGATCCGAGAAC CTGAACCGGGTCTAACTCGGATACAGGTCCCATATCTCTCCCCTCT AATAAAGAAATTCATCCCGAAATTCCTCTAAAT	CATG	G	33,43	231	CGAAGGTACGCAAC ACTCA	59,9	TCAGGTTCTCGGAT CGATT	59,6	50	45	
488	BrPe4010	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 1238	4	2716	2727	12	3	8	TGACAGAATCCTCTCTCTTTATGAGACATGTTACTCACTTTGGATT CAGAAGGGGTATCCTGATCCGAGCTTGAATAAAATGCTCGCAAAC ATCACTATCCCAATTTGCTCCAGGATAGCAAGAATCTGCTGTTG CCTTCTCTGCTTTCTTTCTTTGAAGAGAAACAATCCTTAGCTGTTCT CAAGTTCTCAACCTAATTTTCAGATGAAGTCAACATTATGTGTCTA ACTCAGGAGGACCAAAACGAGAGAGAGAGTGAGCAATTATCCCTGG GAAGATATCCAGGTAAAGTATACCTTTCTTG	CTTT	G	16,51	196	GGGTATCCTGATCCG AGCTT	60,4	TGGTCTCTGAGTT AGACACAT	60	50	45	
489	BrPe4011	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 6273	4	3689	3700	12	3	8	TCTCGTTTCCCTTTCATTTTTAATCTGATGGGTCTATCGATCTTTT CCCCTCTTTGCTTTTACTTCAAAACCTATCAAGGGTTTAGGATTGA TAGCAATTTCCAATGATGAACAATGTTAAACGTGGTACATGGGACA TTCACCTCTGATTGATTGAAATCATTATAAGCTCCATTGCTTTGGA TGGATTAAGTTGCTTTGATGTACTGTGGTTATCCTGACCTGTAT CTTTCTTTTCTCTGATAGACACATGTAATGGATTCTACTGTGAA AACTTCAAACCGAACAAGGACTACA	TTGA	G	15,91	152	TCGATTTTTCCCTC TTTG	59,2	TCCAAAGGCAATGG AGCTTA	60,7	45	45	
490	BrPe4012	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 6679	4	486	497	12	3	8	CAACACCGCTGCTTCACTATTGAAACACATTGCTTTATCAAGTTA TCCACTTCGCCCAAAAGCGATCTTCTTCTTAACTTAAAAAGCATT CCCAATCCACGAAATCATATGCCTTTTGGAAATCGATCTTGAATAAC CACCTATTTTTCTTCTTCTCATGTGATGCACCACTTCGGATGTA ATCATAACTGAATCAAGCAACTTCTTCTTTCACAAAACCGGATTG ATAGGGTGAATAATTGAAGAAAAGACCCCTTCAATCTATTGGCT AGCAACTTTGAGATGATTTATAAACTA	TTTC	G	19,04	150	ATCCCAATCCACGA AATCA	60,1	CCTATCAATCCGGT TTTGTA	59,8	40	43	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
491	BrPe4013	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 6847	4	4177	4192	16	4	12	AGAGCAGCCAGGAGATATATTTTATAAAACTACCAAGTCTCGAGT ATGACGGTGGGAAGTACTAGACTGCTGGAATTTTAAAAAGAGGTG GTGGCGATGAAAGCTTTTGGATTTTTGTGTAGGAATCATAAGCTTTA AAAATGGCGAATGATTGATTGATGATCAGTAATCAAAATCTCAGT CTCTCCTTATAAAGTCCACTTTAGTATATTATGCATTCCATTATTTG CTACATATGTCCTGCTCTTTCTTTTCTAATGTAACTTTCACATCG CTCATAAAAGAATACTTTCTTTCTGCTGAATGT	TGAT	S	17,36	220	CGAGTATGACGGTGG GAACT	60,0	AAAAAGGAAAGAG ACGGGACA	60,1	55	43	
492	BrPe4014	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 9608	4	3914	3925	12	3	8	TAATCTAGCAAATTCAGAAAAAGAAATATAATTCCTTCAACCTG GAGGCTATCCGCTCTGACATGCTTCGTGAAATGAGAGTTATGACTAA CATCCCGTTGAACTAATAGATGTTTTTGGCTTTGGCATCCCATTTTACT GTTGTCACGTGTAGTTAGTTAAAGGAGAGTGAGGTTTCATTATAGGT TGTTTTGTATTCTGCAGAAAGTATTTTGGATTAAGGAAAAAGGAA AGAACGAGGCTGATATACTGGACTTGTCAAAATAGATGGGAAGAA ACTTGGAAATTTCTCTTCTTGAATACAAC	GTTA	S	16,74	167	AACTGGAGGCTATC CGCT	60,1	TCTGCAGAAATACAA AAACAACCT	58	55	35	
493	BrPe4015	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 3257	4	1226	1237	12	3	8	TTCGATGGTTCCAACCCACTCCAACGGCGAAAAGGCAAACCAGATT TAGCCTTTTGCCAGTGCCAACCATGTGTGCCATTTTCATATTATGG GCATGTGAAACTTCAAATATCCATCAGTGTGCGAAACTGCGAAGGA ACCATGTGACTATTTATTTTAAAAATTCGCATAAACATGTG GCACACAGCTAATTACAAAGTTGTTCTTACTTCCAGCGTAG	ATTT	S	15,72	151	ATTTAGCCTTTTGCCC AGTG	59,2	TGTGTGCCACATGTT TATGC	59	45	45	
494	BrPe4016	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 3301	4	1247	1258	12	3	8	AATAGCCACCATCGATAGCATTGCCGGTCTGTACAAGAGTGTGAT CTTGCTCCACCGTGCCTAGTTTCCGTTGCGATACCTTGCAATGCCG CGGCATATGCCAACCTTTCTGTCTGGAAGCTGCTGGATTTAGGAA ACTTGACCTGTCTTTCTTTCTTGTGGAATGGCAATCTGAGAGTGTG CTAGGGATATCAAGCACCAGGTGCCCTTCCCTCCAGTCTCTGTCAAT CTTCCCTGGACTAGATGGATGTACGAGTAACGACCTTGTAAAGCACG CGTAATCATTAGGTGTCAGACCCGTATTGTC	TCTT	G	15,66	180	GCCAACCTTTTCTGTC TGGA	60,2	GCGTGCTTACAAGG TCGTTA	59	50	50	
495	BrPe4017	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 0350	4	702	713	12	3	8	CCCTTCTGCAATTCAAATATTTGGTGCAGGAAACAGTTCAGGCAC GGATGGTTTCCAGTTTAGGGTTCATGGAATTCAGCTCTGACTGCTG TGATTGGAAAGAGTATTTTGCAAAGTACCACAACAGGTGACTAGC CTTGACCTCAGCTCGCTCCCTCACTCCCTCGGAGGATGTCTC ATCTGATGTTTTAGCTCCACTCTTCACTTGCCTACTCTTGTGTTCTT GAGCGTTTCTGGGAACCATATAAGTGGTGGAAATCCAAGAGCAGTT TCCAATCTGACACAACCTTTAACCTTGACT	GCTC	G	18,34	176	CCAGTTTAGGGTCA TGGA	59,8	AACACAAGAGTGCG CAAGTG	60,1	50	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
496	BrPe4018	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 9519	4	966	977	12	3	8	CAACCTTTACCTGCTGACATGGCAAACCTCTGGCTAATACATCCTC TCCATCCTAGGTTATCAACAACCTCATTAAAGTTTATGGACATCTTT GTGCTGTTTAGAAAGAATGCCAAAGTTGAAGGATGAGTCTCTGGCA TGATAAATCCATCAATCAATCATCATGAGGTAAAGAAAATCATATCTC ATAATGCCAACAACTGTGCAGCTCTTATCTTGAACCTCTGACTCTGTT TTCTCTAAATTTCTCTATCTGACTTTAACCAACACAGGATCGCAAGC ATGCCTTGCTCGACTATTCTCAAGTAATAC	ATCA	S	020	204	TTACCTGCTGACATG GCAA	60,3	AGCTGACAGATTGT TGGCATT	59,8	45	43	
497	BrPe4019	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 2931	4	904	915	12	3	8	AACACCACTACCTTAACCATCATTCGGAAGTGCTGCTCACCTATAGG ACTTGCTGATTATCGCCAATTGCATGTTGCATAGTCTTTATAAGA CTGTGTCAAAAATATTGATAGCCAGGACATTGAGGGTGTGTGTAG AGTTATCAGCATCAATCAATCAGCCTTTGTAGCAGGGAGAAGCATC ACTGACAACATACTCATGGCTCATGAGCTTGTGAGTAACTATGGAA AAAGATCAGGGATACCGAATTATGCCAGCAAAGTTACCTTCACAA GGCATACGACTCAATTGCTGGGATTTTGTTGAG	ATCA	G	28,82	242	GCCAATTGCATGTTG CATAG	60,1	AATCCCAGCAAATT GAGTCG	60,1	45	45	
498	BrPe4020	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 2966	4	3440	3451	12	3	8	ACCTGAAACCGTTGCGGCAAAGTTTGAGGCTATGAATTGATTGGCA ACCATGGCAAGGTATTTTAGCACTACATCTGTCACCTTATGCAAGT AGCAGAGATCAAGAGCGGTAAGTTTGACATAGTTGCCACAAA TTAAGTGATAAGTCAGTCAGTCTCCTGAAACCATAAAAGTATCCTT GTTACTAAAATGTATAGAAATGCGAAAGTAGCGCTCAGCTCATTCTT ATTCTTGAAACATATGAATGCAGACTTACACACAATTAGAAAAAAC AAGCTCTCTCATGTTTCCACATGCTTTGAC	AGTC	S	15,82	179	GCAACCATGGCAAG GTATT	59,8	GAGCGCTACTTTTCG CATTTC	60,1	45	50	
499	BrPe4021	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 3009	4	1420	1431	12	3	8	TAATTCATTATAATTTTTAGCCTGGGACCCTACCAATCATCCTCT TGCTTATTGCTGGTGAAGGTACGACAATACCATTGACCTCCAATA AAGTTGTACCTTGTGTTTGACAAATATTGCGACAAATGCTAATTTG CACATAGTTAATTAATAAACTTATCTTATAAATATATTTTGGTTTT GTATCAGGTGACGTCGGGATCAGAGCCTAAGCAAGTTGACGACAATG TACGTAGATAAACAAATCGAAGAGTGGGAACCCAGAGCCACCTT TTGAGACTCGTCTGAGATCCGGGCAATGG	TTAA	S	16,41	249	GGACCACTACCAAT CATCC	60,2	TCTGGTGGTTCCCA CTCTTC	60,1	55	55	
500	BrPe4022	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 3586	4	2424	2435	12	3	8	AAAGTAAAGCCATGTCCTTCAAGCTTCTTATGTTTGCCTTCTTCTCA TTTCAACGAGCTCAGGACATCATACTGTGCTTTTATAGAGTAAACA CAAATAAGATTCTGCGTAAAGGGGAATGTTAGTTATGACTTTCTCA ATTACAAAAGATAGATAGATGCTGAAAGAATAAACATCTCGAATAC ATCTAAAAGCATCATGACTACCTTCCATACTAAATGGCTTGACAGAG AGGATCTGTAATAACTTATCCCTGCCACATAGATCTGCACTAGTA TTTATGGTTTTGATGTCACAAAAGATACC	AGAT	S	18,54	189	AACGAGCTCAGGGAC ATCAT	59,7	GATCCTCTCTGCAA GCCATT	59,4	50	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
501	BrPe4023	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_6 9689	4	1835	1846	12	3	8	ATGCTCATAATCTTTGGCAAATCTTCAGGAGCTGGTTTTCCATATA TTCCCATCTGGGAGCTGTTTAGCCAATAAGGAGGAGTTTGAATCGA CGAGGCCAATCCTCCGGCCATCTAGTGCCCTCTCATTACTGTCAAC AGGCACCCGATGCATGCCTGCAGAGGCACATACCTGAAAATG CCATTACCTGGATGGTTACTATCTATAATAGCTATCAAGAGTTCAGT ATTATCATATTTAAAGTCATTTCAAATTTCTATGGCCACGGAGATT TTGTTTGTAAAAACCAAGCTGCGTTT	ATGC	G	15,85	175	GGCAAATCTTCAGG AGCTG	60,0	TGGCATTTCAGGT ATGTGC	59,5	50	45	
502	BrPe4024	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 28	4	210	221	12	3	8	GGTAATAACAGCTTCCCGTAGTATTACATCTACTIGTACTACATCT TCGATAAGTATAAAAATTTGTGTCAAGGTTTTTTTTATGTTTTCTA TTAATGGGAGCAAATTTTGGCAGAGCTCGTTAACAGCAGAAAA TTAGCCGTGCAATCAATCAATAGAGAGTTGTGTGACGCTGATGAGG CGAATTGCTTGATGAAGAAGGTAATATATGAGAGCTTGAAAGTTT ATCATAATGGGTGGATGATTATGGTTGGTGAGGGTTCAGGCTCCTC GCTTTGGTCTGGCTATTTGTTTGATCAAAAA	CAAT	G	18,56	161	AAATTATTGGCAGA GCTCGTT	59,3	CCCCTCACCAACCA TAATCA	60,6	36	50	
503	BrPe4025	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_9 73	4	951	966	12	3	8	TTGAAACCAAGGCATAAAGTTAGGTCTTTCCAGAAAAACGCTAAAC AGCAACAAGGTCAATTATTAGCTCAACAGAATTAGAGTGGCTATGA GTGAAGAACCATAGGCAATTTATAGAAGCTGAAGAACTAAAAACA AAACAAGAGAAAAATAAATAAATGAATACCAATACAAGTTTATTG TTCAATTACTTGTATAAGTCCAGCCAATTTGATCTCATCCGCTTTGATA AAAACCTTCCCACTCCTTTGCTGATAGGCTTGCCAGGAATTCATCA GTATTAATGAAAGGAGAGGAGGGGTCTACA	TTAA	S	20,92	107	GCATCGGTATTCCGT CAAAC	60,3	CAAATGAATGCATG TGTGAGAG	59,2	50	41	
504	BrPe4026	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 140	4	654	665	12	3	8	ACTTACAGATGTAACACTCCACCCGCCACAAAAATATAATCCAGT GGCTCATAACCCCTGAAGTCAAATAACATCACTGGGATATTTCCC TTGTTACACTCAATTCGTTGGTAAGCGGTTGACCTTTCCAGGGATCA TTGTCACAGTTCCTCCCTCCCAAAAATTTGCACACTACGAAAGAAA GTATATGGCAAAGACATCAGTCTGGATGATATAACTACAGATTGA AGTTCGGAGCAGAAGTTAAATTACAACCAGATGACTCCTTGGCCCT AAGAATGAAGACATTCAGACGCACACTCCCA	TCCC	G	17,32	182	AATTCGTTGGTAAGC GGTTG	60,0	TTCTTAGGCCAAG GAGTCA	59,8	45	50	
505	BrPe4027	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 742	4	1475	1486	12	3	8	CCAAAAGGGCGGAGTATATAGACAAGAAAGACACAAAACCTCAG AAAGACGTACAGACACATAACAATGACCATTATTGATGGAAGAACA CAAGAAAACAAAACAGCCTTGTGTTGTAAGATGGAATACAGCTGT GCAAGGGCCCTATAGACAGACAGACTGTAGAGAAAGAGGTTGGTTA TCATCAATCGGAGGACTTTTGTCTATTTCTTATTAACCAACTGT AAGTCTGTAATCGGTAAGGAACAGAAAAGCACTTTGATGGATCAT GGTTGTTGCAAAATTAAGTATCTCTTGTGGTTCAAT	AGAC	S	18,76	163	GGAAATACAGCTGTG CAAGG	58,4	TGCAACAACCATGA TCCAAT	59,8	50	40	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
506	BrPe4028	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 213	4	2780	2791	12	3	8	GAATGACGAGAAGTTAGCTTGTGACGAGATGTTTGTGACGGAAGGGTGG ACGTATATTTATATGGAGAAACATGACAGACAAAAGGAAGGTGGAA AGTATACTGTTCCAGGAAGGCAACACAAAACATGATCCTTTGAAGA ATTAATGGCTGCTTAATTAATTAATAAGACATTCTCTGTGACATAGG AGAGGTATGGACTGAGATGCCTGAGCCTTATACGGCAAGACTATTG GGATTGTGACCATGCTATTGTTTCAGATTGCTCTCCACTGAAAGAAA ATCAAAACGGGACTCCGACTCGACTCGGGTACT	TTAA	S	14,98	219	GTTTGTGACGGAAGGG TGGAC	59,4	AGCATGGTCACAAT CCCAAT	60,2	55	45	
507	BrPe4029	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 763	4	745	756	12	3	8	GGTGTGGAGCTTCATTCCAACAGAACTAGTATGACTTCATCTGATG GAGATTATGGAGCAAAGCCAGCTATGGTGAACACAAGAACATTTAAA GGGCCAAAGGTAGATTAGATATTAACATTCACATATTTGGAGCTTC ATTTATAACTTATTTATTTATGTTTTAATGGAGTCGAAAATGATAC GATAAGACCCCTTTATATGCAGAGATGATGTTCAATGATCAGCAGAC ATCTTTGCCAGTATCTCCTGTTCTAGCCCGCTACGGCAGTATGGTC CTGCACATCGGAGTTGTTATCTTTCTCTCTCT	TTAT	S	14,88	205	AACATTAAGGGCCC AAGGT	59,7	CGATGTGCAGGACC ATACTG	60,1	45	55	
508	BrPe4030	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 169	4	3476	3487	12	3	8	CAAGCAACTTTTCCCCTCTCTCAAGTGTCTGCACAAAACGAAGTTCT TCCTTTCCAACATCAAGATGCGAAGGCGTCTAGCTTTTACATC TGGATCAATATCAGAGCTTAGTTCTATTACAGTTTCCGCAATGGATG GTAAAAATGTTCTTCTTCCATCTCCTTTTATACCAAGCAACCTG CCAGTACGAACTGCCGCTGATGAGACGACGAACAACATATCCTC TACCAATATTTGATGGACTACTCCATCTGATATTAGATACACAATT GCACGCATATGATCTCCTACAATCTGAAAAG	TTCC	G	16,15	183	CCCCTCTCTCAAGTGT CTGC	60,0	GTAAGTGGCAGGTTG CTTGGT	60,2	60	55	
509	BrPe4031	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 424	4	3269	3280	12	3	8	CCTCAGGACCTCCACTGCAGCACAACGTAGCTTGATTAATAAGGAA GGATACTCAACAGAAGATGTCATGCTCTTTTACGTCTTTTACTGG AGTTGTTCTGAGGCTTTGCTCTTCTCCACAATGTAAAAATATCT CTATTTTCTGAAGGAAGGAGTGGCCATGAGATGCAACTATTACAT AGTGTGGTAAGAAACCACATTACTGAGCCAGAAAAGGAATCCACTT CTGTGAGTGATTGTTGGTCTCATCACTGGAAGACAATGATGTTGGA TTAGATAAAGATCAGTTGCTCAAAAGACTGAA	GAAG	G	16,32	214	GCAGCACAACGTAGC TTGAT	59,1	TGGATTCTTTTCTG GCTCA	60,7	50	45	
510	BrPe4032	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 582	4	161	172	12	3	8	CAGCCGAGGATGCGATCGGTAAGTCAGAAGCCATGAACTGAAAG CGGAAAAAGCCATGCAAGATTCCAAGCAATCAGCCGAGTCATGGAA GAAAGGGCCCGTGATAAGACAATGATGGAGTAATAATCATTTTCT CCCCAAGTTATTGCTATCTATCTATGATTTGATGGTATTGTTTCTT TCTAATTTGCAAAATCTTGGGATATTACCATGCCAGTGTGTTGTCCT TTCTCGTGAGAAGTGTGATTCTTATTCTCGAGTACTTAAGTATATGT CATGAAACTGAACTGAAATGAAGGAAATGA	CTAT	S	16,79	221	GCGATCGGTAAGTCA GAAGC	60,0	GGACAAAACACTGG CATGGT	60,8	55	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
511	BrPe4033	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 018	4	544	555	12	3	8	TAAGCCAGAATTGGATGGCCAAAGGTATTAGAGAATGAAGCTGTAAAA TCGACAATAATCTACTAAACATAAAGAAACATTACCAATAGCCCTA GCAAGATTTAGACTGCCGTTAACACGCCCTGCATGTATGAATCCACC AGCTTTTAAAAATCTTTCTTCTCAGCCTCAAGATCAGGTTTATGATC CCGAGAAAGATTGTATGCCTGCATCAAACAAAACATTGTGCACAAGA CCATCCATTCAAACAAAAGACAAAAAATCAAGATACTCAACCC TTGAGGAATTGATCAGTCACCAACAAATACCT	TTCT	G	20,28	203	AGAATTGGATGGCCA AGGTA	59,4	GCAGGCATACAATC TTTCTCG	59,9	45	48	
512	BrPe4034	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_6 830	4	1699	1710	12	3	8	TGTGCCAATACATATAATCTGCTGTCTTCTAAGAGTATTGTGTGCAA CTCACTGTAATAAGATGCAAATAATGGTTCACCAAGCAAAATATA TTGTTATGGCACATAAAGAAATACTTTAAGTACAAGAACAATTTTC ATTTCTTTAGCCCTGCCTGCCTGTGCAACCTTTACTGCATAACTTTTG ACGTACAAGGAAAATGCTCCACTGGAAAAGATAAATTCACAATC CCCTCTGCCTCAAGTAATAGGCAATAAATGTTTGACATACCTCAAA CACATGGTCCAATGGGCAGACAAAAGTTGTC	CCTG	S	18,69	246	GCAAATAATGGTTC CCAAGC	59,5	CAACCTTTTGTCTGC CCATT	60	43	45	
513	BrPe4035	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_7 223	4	3677	3688	12	3	8	CTTTATACAATCCAGTGTGTCAAAGGCGAAAATAACAACATAAAAA GTGCGTGAAATCCAAAACCCAGCACTGAGCTACAAGCTTTCAA AGCACAGAAGCAAAATCTCCCAAGCTGTCAAACACACAATTTAA AGACAGGAAATCAAGCAAGCAAGAAGCATACCTTGACAACAAAC AATATGGCAAAAAGCGAGAATCGCTTGAATCTCTAAACAGCACAA AAAAAAAAAACTTAATTCCCGGAAAACAAAATACAAATTGAGTA AAGTAAAAGAGAGGCTGCGCACCCGATGGAAGAGATG	CAAG	S	17,49	186	CAGTGTGTCAAAGGC GAAAA	59,9	CGCTTTTGCCATATT GTTTG	59,2	45	40	
514	BrPe4036	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_7 319	4	4331	4342	12	3	8	ATTGCATTCAATTATGGACTAGACTGTCAATATTCTTGTGAAGCAT TTTGTAGAATATTATCAAGCCGAAAATTGACTTTCACGACAATGAA ATATCAGAGATTATCATATTATCCAAAAGTGAAGTACAATCCCGC AATCCATTCCAAAACAAAATGATACGTGAGTCTATTCAATGCA GCATCATTAAACAATGATAATGAAGCAACATCCAAAAGGGTAAA AAAATGGGTGGGTAGGAAAAGGGACCAAGAGCAGATGATAATCA ACAGTTGTGTTTTCCATTGATAACTGGGGTATAT	CAAA	S	18,53	162	CGCAAAATTGACTTT CACGA	59,8	CCCTTTTGGAAATGTT TGCTT	59,1	40	40	
515	BrPe4037	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 0377	4	2208	2219	12	3	8	ATTCCCTTGAAAAATAAGGGACATCACTGCAGTGACAGAGAGAAA AAACTGCAAGTTTTTCATGTAAGAGCCAGTAAACATTATTATGAATT GAACAAGTCAAAGAACAAGGTGCAGAACATCATACGCACAGACCT GATCAGCAACATCATACATACATATGATTTGCTGTTCCAGCAGCT AATATGAGTCCCGTCTGCAGAAATAACATAAGGTGCGTGAAGCATT TCCTGCAGTTGAATTGGCTGCAGACCTGCGATCAGTCATAAGACGTC CTCCAGGATATCCCTGCGACCTCAATGGTGC	CATA	G	16,6	176	TGCAGAACATCATAC GCACA	59,9	ATCGCTGGAGGACG TCTTAT	58,8	45	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
516	BrPe4038	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 1101	4	552	567	16	4	12	GCGCAGGAATAAGAGGGGCATTAGGCCAGCACACCTAGGAGACTA TGTTAGTCAGGAATATCCGCCTTGTATTCCGGTCACAATAGCCTTT ATCAAGTATTTAAATAGTGAATGAGAAAAGAACAGGGTAGACTACT ATCAACAATTCCTCTTCTTCTTCTTCTTCTGCTCGCCTTGATTCTGT TCTTCCCTTTGAGTCATATCACGTAACACTCTCTCCCTATCAACGG AACACAATGGCTTCCTTTGCTTTGACTTAAATTTGACGTTCTCTCC CTCTACTTGTCTTCTTCCCTTCTTATCGATCC	TCTT	S	17,85	244	GCAGGAATAAGAGGG GCATT	60,4	GCCATTGTTGTTCCG TTGAT	60,8	50	45	
517	BrPe4039	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 2042	4	512	523	12	3	8	ATGGGCTTTTACAGAATATGGAAAAAATCATATACATGTATGA AGAAGCTTAGAGACATGCATGAATATAAGCACATCTAATTAGGACT GAACGCAAGTTACCTAAAATATAGGATGCTAATGATAGGGGAAAA ACAGGAGTTTGAATGAATGAATGGAAAAAAGTCAGATTTAAATAG AGGATTTATAGGGGGAGTATGGGAATCTAGAGAGGAATAGAGGGTT GGTCTGTAGATAGTCCGGAGAGCAGCATGCAATTTAAATGCAAGTGG CACTTGTCTTAGCACAGTCATTTGGTTCTTCCCTT	AATG	S	19,86	155	GGGAAAAACAGGA GTTTGA	059	TGACAAGTGCCACT GCATTTA	60,3	45	43	
518	BrPe4040	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 2931	4	616	627	12	3	8	GAAAATGACTTGAATTCAAAACGAATGGGACTCCGACGTGGCTTG TTGGGTGGCTTTGGTCTGATTGTAAGGGGTTTACGIGCAACAGT CGGCAATATTTTACAGACTTGTAGTCACTTTGTCTTATTTCTTGTG CTAATCCTTATTAATTAATTACCGGAAATAGTATGGATATGGTAATT TCTGTGGTTGCAAATCCCTTTCAGTTCCATATGATTATTACATCAA TTTATGATGTACATATACAATGTTGTTTCATGGTCTTGATTCAATTTT CACAATTGCCTTTTCCAAAACCTCGTATCC	ATTA	S	18,6	160	GGTGGCTTTGGTCTG ATTGT	60,0	AAGGGAATTTGCAA CCACAG	60	50	45	
519	BrPe4041	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 4395	4	838	849	12	3	8	TAAACTATTTTGGCACATATGTCTTTCGGCCATTAAAATTTTCTTA TTCTTCTCGTGTGTGCTGAGCCTGGATGCAGTAGCTAGCGCCACAC TTCGCGCCTCATAGCGATTGTGACTTTGCCACAGGTTGCCAATGCCA TGGGACTAGTTGGTTGGTTGCTAGGACTGCCTGAGCAACCTCGATGC AACTACAAAACGTCGGGGTGGTTGCTGCTCTGACGAGCATGTAAT GATCACAGCTGACGGTGACCCTGATGAAATCCATAGCAATTTAAG AATACTCCTTCTTTGATATGAAAAATATCTA	GTTG	S	16,66	168	CATATGTCTTTCGGCC CATT	59,8	AGGTTGCTCAGGCA GTCCTA	60	45	55	
520	BrPe4042	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 4543	4	741	752	12	3	8	CTGCAAGAGGTGGATGTTCCATCAACTGAGAGGGTGGAGTCACATC CTCCTGATTCTGATCACCACACTACTGGCCGAAATCCAACCACG GGGAGTGAACCCAGCGATGTGAATCCAACACTAACTGAAGTAAAA TAGGCAATTTGCAAGAAAGAAAGACATCAGATGCTAGTATATGACA TAACAATTCGACACTATAGGAAAAGTTATTGCACCACATAGAGAAA CAAATTCAAAACCTACTAGCCAAAACCTGAAAATTTCCACAGC TATGCTCATGTTCTTTGAGAATAGGTTAAGAACAGC	AAGA	S	16,56	150	CAGCGATGTAATCC AACAC	60,1	TTGGCTAGTGACGG TTTGAA	59,3	50	45	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
521	BrPe4043	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 4659	4	3020	3031	12	3	8	CAACCCATATCCAAGGCTGATAAGCAACACTCTCTCCACGAACCTT CCCCAAGTATCCCATCTCTATTATCATGATTTCATAGTCGTCAGC ATAAGAAAGGTCGCCAATAAACACACAGCCTTCCTATTTCGTGGG TTGTTTTCATAGTAGTGAGTGTATTGGAATCATAAGTCTGACC AAGATCACCTGCAAAAACACAGAGCACAACGTGATGAGCTTATTA AGATGAACCATATTCAAGAACATGCAAAGGGTCACTTGCATTACC CATGACACCAAAATGTATACGGGACATCAGGCC	AGTG	G	17,16	154	CCCCAAGTATCCCAT CTCCT	60,1	TGCAGGTGATCTT GGTCAG	59,8	55	50	
522	BrPe4044	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 5486	4	5918	5929	12	3	8	AGTAGTGAAACCACCACATAATATAGCACAAATGCCATAACATGCT TCTAAAAGGAACACCTTTTTGGCTTAGTTTTACTACCTCTTTA TTTATTACAGTACTAAATAACATATGCCTGTAACGAACAACCTTCT CTCTTTCCAAATAAATAAATGATCGTTTATAGAGCACATAGATTAT TGAAAATCTTCTAAGCAAAAGAAAATGGAACAAATGGCAAGGATG AACGTCAGAATGCAATGAAAAATATGTATGACAAGCTGAACAGAAA TTCAACAAAAGAGAAAAGAGTTAATCAGAGAA	AAAT	S	18,85	214	AGCACAATGCCATAA CATGC	59,9	GACGTTTCATCTTG CCATT	59,9	45	45	
523	BrPe4045	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 6779	4	1195	1206	12	3	8	AACCTCGGCTTGGAAAAGTGGAGAAGGAAGTTTGTGCACTTACAGT AGCTCGAGTGATACCGGGAAGGCAATAATCAGCATGCGGTGTGAGA ACTCGGCTTTCTTAACTAAGAAGTGGAAAATGCAAAATGCAGTGT AGAAGTCGGCACTTCTTCTTTCTTCTTGCAGGATGTCTGGAATCA ATAAGGCTAATTATGGACACCAACAAAAGCACCACCAGCATCTTT ATTCATTCTTTTCAACCTTTGGCTATCCATAAGATGGAATCTGA AACAAAGACAATGTTAGAAAAGCAGAAGCTTACAA	CTTT	S	18,6	160	ATAATCAGCATGCGG TGTGA	60,1	AGAATGCTGGTGGT GCTTTT	59,7	45	45	
524	BrPe4046	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 7558	4	1629	1640	12	3	8	CAGAGTCAAAACCTTGCCTCTGCTACGCACCCTTACCRACTAACCA TAAATTTGTGGTGCCTTTCTTTGGCTAGTTAATGGGTTGTAGCAGAA TTTAGCTTAGTGATAAGAGTTTGTCTAACAACAGAGATAAGTTCA AAACAGTTGTTTATTTAATTTTCTTCTTGGAGGAAGGAGGAGA ATGGCGCTTTTGTATCGACAGCAGCGACCAAGTTAACTGGAAGC TTTTCAACAATGTGGTGGTGTGTACAAGAAGTGTGTCAGCTCTG TCTAATCTTTTACTGGTAAATATGTAGTCT	TTTA	S	15,32	188	GCACCCTTACCGACT AACCA	60,0	CGTGCTGTGCGATA ACAAAA	60	55	45	
525	BrPe4047	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 8119	4	474	485	12	3	8	CTTAGACCACTCGGCCATCCTGACACTGTTTGAAGGTTGATTATC TTTTATCAATGCAAAGGCTAATTACTGAAATCTGCTTATCAATCAA TGAAGTGTCTATTTAGAACCCTATATTTGTGGCTGTCTCTGTATTGC TGAGTGTGTGTTGTTGTTGCTTTGATGGTTTCAGATTGTGTGTATA CGCGTGAGGTGTGTTGATATTCAGCTGTGAGGATTCAGGTTAGTAGA TTGTGTTCTCGGAGGTTGATAGTTTACAGTTCGCCCTTGAAGTGGC CATGCACCATGAGAGACCCACTGGTGTG	TTGT	G	15,81	181	TGGCTGTCTCTGTATT GCTGA	59,6	GTTGGTCTCTCATG GTGCAT	61	48	55	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
526	BrPe4048	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 9032	4	1095	1106	12	3	8	AGAAGAAATACTATCTCTATATTTTGTGTTTCATATCATCATATATTT TGCTTTTATCCTCTGCTTACGGACTGTTTTAGTCACCTAAGTTTGG TTGTCACACTCATGAATTTGTATGCACCGTTGTTCTGATTCTAGATTG TATCTGCTGCTGCTGTTTTCCATATTTTTATTGATTTCTTTTTCTT TTGTTATTTAGTTTTTACCTCATTGAAAGTTCTCAGGCTATTGTTAA CTTCCTTATGCTAACATATGGAAATCTTGATTGTGATGCATGGTGT AGACAGCTGTTCTCTTGTCTTG	CTGT	G	18,22	178	TGCACCGTTGTTCTGA TTCT	59,3	AGCTGTCTACACCA TGCATCA	59,3	45	48	
527	BrPe4049	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 0941	4	3562	3573	12	3	8	TAGTATATATTGATTATGGATGACATAAATAAGTAAATGCATATTGC CTTACCATCTACAAACGTAGTCCAACAATTCCAGTAAATAGAAATTTA ATGTGGAAAATTAATAAAATTTTCATCAAAAACCTAGACACCACAT GTGGAAATCAAAATAAATAAATCATAGCACTGATGCATTCAACTAG TGATTTATTTTGTACTTTGCCACAACCCAGAGGAAAATGAAGAATA TTTCCATTTATAGAAGAAAACCTAGTATTTCAACAAAACCTTATCA ATAACATCCAAAATAAATTACGATTCAGACTG	AAAT	S	22,22	175	TTGCCTTACCATCTAC AAACG	57,9	CTCTGGGTTGTGGC AAAGTC	60,7	43	55	
528	BrPe4050	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 1563	4	1552	1563	12	3	8	ATGGGTGCCTCATACTTCTCTGGATCTCAGAGATAATCTCGGTGG ACTAGTACAGGATTTTATATCTTGTGTCAGCTTTTCAGTTAATCTT ACACATTCATTAATCTAGTCAGTTCTTTTTGTAATATCCTTTGATTT GAGATCTTTTATTTACTCAGTTAAAATGGCATAATTTGTTTATC CTTCAATGTGATAGGATCAGCAATAATGGGTAAGAATGTGGAG TAATCATTCTTACTTGAACATGTAGTTTCTGTGAACTTGTATTCCCTT TGAGGAGAAACTGAAAAACTTCCGG	TTTA	S	17,08	220	GGGTGCCTCATACTT CATCC	59,4	CCCATTATTGCTGAT CCTATCAC	59,7	55	43	
529	BrPe4051	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_8 2	4	523	534	12	3	8	CAAAGATCAAGCTAGCTCTGGAAACCCCTAGCTGAACAAGACCAAG AGAAGTAACATGAACATCAAACTCAAACCATACATGCACATGAACA TGGAACCAAGACAAGGATGGCATGCATGAACACCACCTACCTCT TCTCCCTTCTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCT TCTCAGATGGCAACTCACCTCAGCCCTCCTCTCTTCTTCTTCTCTCA ATTACACCCTTTTCCATAGAGTCATTACACCACCTTTTTATTAGG GGTTGAATAGGTCTTTGTGGG	TCTT	S	37,4	207	TCCTGGAAACCTAG CTGAA	59,8	AGAGAGTGAGGGCT GAGGTG	59,6	50	60	
530	BrPe4052	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_8 5	4	7687	7698	12	3	8	GAGAAAACGAAATCCGGAAAAAGTCCAATACCTATTACTGGTAAAA GTAGACATATCGAAACAAAAAATCCCGGGGCCAGAATCAAAAA AATACGAGTTTGCAGCATCAACAGCTTGTATCCATAGAACATTTGG CGTAACATGGATAATAAATAAATAGGAGTCAATATCATTCCAACCTG CCATTACAAAAGTAATTAGAAATTTTGGCATTAAAAGATATTTTGG CCGGTAATTATCCAAGAAAGACTATTAATCCGCAACAAAACCCAC TCATGCCCGTAATGCAAGGGAGGCTAATGATAAG	AATA	G	5.355,62	180	TTTGACATCAAAC AGCTT	59,6	GAGTGGTTTTGTTGC GGAAT	60	40	45	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
531	BrPe4053	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 06	4	2829	2840	12	3	8	GTACAATAGACAGTGGAGACAATAAAGCATTACCGTAGGTTGACA GGGCCAGTCACTGTTAGATCTTTTCGATGATCAAGCTACACAGCCAA ACGTTGTCCTTTCAAATTCATTGCCAGCGAAAACTTTCTGTTACT GTTAAAAAACCAAAACAAACAAAGACGATCCAGCCATGGGGAGGT TGCGGGCACCTGAAGGAGAGGGAGGAAGAGAAGGCTGGGGACAAA ACAATTCGTAAGCCAAAAACAAACAAAGCATTCTGGAGTTAA TGCCAAGGTGAGGTAATATCATTCTCCTAGACGCTT	CAA	G	99,39	156	TCAAGCTACACAGCC AAACG	60,0	GTTTGTCCCCAGCC TTCTC	61	50	55	
532	BrPe4054	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 42	4	1311	1322	12	3	8	AAAATATTCTTACTTACCATTCAATTATTAATAGGTACTTTTIGTAT AAAGATTTCTATTTCAAAGAACCAGCTAAGCTAGCTGTCCTTTGTC GGGAGCCAGCATTCTTTTTATGATGAATAAAGAAGTCGTTTTG CTTTTCTACTTCTTTCTTATTTATTTCAATTATCAGTATAATAATTGG ATTAGTCTCTTTGCCAGGTAAGTTACTGCGTTGGACTTGTGGGGTT TATCTATTTTGTCTTAGTACATATAATCTTCTATGGGGTTGCAAC TTTTATATTACCCAGGAAAAACAA	CTT	S	309,29	159	AAGTAGCTGTCTC TTGTCG	58,9	CCACAAGTCCAACG CAGTAA	59,8	52,4	50	
533	BrPe4055	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 84	4	1517	1532	16	4	12	ATTAGAACTCAATTAAGGCTCGATGAGTAACTCTTACGATCTATTA TGAAATTTTGAATATTGTTTTCATAGAATATAACACTTCATAATT AGGGTAGACTCGCTCTTCTTTCTTTCTTTCTTTTTTTTTTTGATTA ATATATCTCTTCTTCTTCTTCTTTGTTACTAAAAATTAATTTTGT TTCAGGAAACATGTTGGAGTGACTATAGCTGTTTTTTTCTCTAATG AATTCGTGTAGATTGTGTTGGAATTGTCAATGTTTATATAGCTCTGG TGCTCGTTTCTTATAATTCTTAACATTGAC	TCT	S	19,41	206	GACTCAATTAAGGC TCGATGA	58,5	TCCAACATGTTTCT GAACAA	59	40,9	38,1	
534	BrPe4056	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 23	4	765	776	12	3	8	AGCTTTGGAAGTAAGACTAATAATAATCTTTGATGAGGTTAAAA AGCCAGTAAAAGTTCTTACTAATTATCGATGCGAATACTTAGAAACC CAGTATGGCCCCAGCCTGTGTGCTCCTGTGAACCTGAGCGCCATT TGTTTCATGGCAAACAAACAAACAAAGGTTACAGTGGTGATGCG AGTAGTGGTTGCCAACAAATATTGCCAACTTTACATTTTGCCTAA TCCATTCTTTGTACCACTCACAGCTCAAAATGACACCATCTGT GCAGTGACAGACAGCTGCTCCTGACAGCTACA	CAA	G	13,28	167	TTGTGCTCCTGTGAAC CTGA	60,4	AGGATGGTGCAATT TTGAGG	59,9	50	45	
535	BrPe4057	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 65	4	1592	1603	12	3	8	AAAGACAACCAATATTCTGGCATCAGCGTCATTAGGATAATAA ACATAAAGCTTCCCGTAAGAACAACAAGTCTTCGCATGCTCAACAA GAACATCCCACATCTTATTGACATGCCACTCCCAGAATCTACAGA AAAATGGATAAAAAATAAATAAATGAAAACAATAATGCATGAAAAGA AAATACTAATTTAACATCAAACTTAAATCATAACATTTCTCAATCTCT GCGAGTCCCTAACTACAAGACGTAGGAAGTCTTCAACTGTATATAT CCAGCTTTGTTAAGCCTCTGTGAAATGATCCAT	AA	G	15,55	165	TTCGATGCTCAACA AGAAC	60,0	AGGACTCGCAGAG ATTGAG	59,6	45	55	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
536	BrPe4058	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 52	4	1584	1595	12	3	8	CCTCATCCTCGGCCAGAGGTACCTCTGCGATCCATAGCCCTAGACTT TGTGAAAGACTATCGGTGTAAAGACTCTCAGCTAGTCGGGAAAACC CCTCTATCTTTCAAGTCCCATTCATTGGTCGGCTCTCTAAAAAG GGGTTCGGAATCTTCTTCTCTCCGGCCCTTTAAGTCCAAGTGC TCAGATAGCAAAATCGTAAGGTTATAGTCTGAATCTCTTACCTTAT TCTCTCTGGTAAGAGAAAAAGTCTATCCTTCAGGGCAGTCCTTGC GGAAGTTGGTGGACTCTATTTGGGATTCTA	TTCT	S	298,11	195	TCGGGAAAACCCCTC TATCT	59,9	GACTGCCCTGAAGG ATAGGA	59,2	50	55	
537	BrPe4059	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_7 68	4	206	217	12	3	8	AAAAACGGTGGGAAAGTAAGGCATATTTAAACATTTAATGCATAAA ACCACATTTTCGTACCTTGAGAGCTGATAACCAAGTACTCAAAACATTG TAATGCACGACATAATCATAATAACATATCACATGCACACATGGGC AAACAGTTTCAAACCAACCACTCAGGCTCCCGAACCTCAGC AGGTCATTAGACCTCCCTGGCATCACGGCTTAGTCATTTGGTTGGT TATGCATGTCATACAATCAAACCTCAGACTTCCCAGAACCTCAGCA GGTCATTAGACCTCCCTGGCATCACGGCTTGGT	AACC	G	12.178,39	222	CGGTGGGAAAGTAAG GCATA	60,0	ccaaAATGACTAAGC CGTGA	58,8	50	45	
538	BrPe4060	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_8 06	4	658	669	12	3	8	CAATAAGTGCATAGTGCATGGCTCTGATATCCCGTTGGCTTCTCTT TTGCCACAAGGACATCGACTGTGCGGCCCTTTTCTTGTGTTGATTAC AGCTCTAACATCTCCCTATTACACATCGAAACATTTTCTTTCTTACA AAAAAAGAAGAAAGAAAGATGGAGGGTGGTCAAGCTGTCCTTGT TGGGTGCTGATTCTTCTTCTCATACTGGAAAACCTTTGCGTCAGCA AAGACCAAAATCAAGTCGGTGTGATCGATCGTTGCCTTAACATTCA GTTGTCTCAGTGATTAATTAATTAACAAA	AAGA	G	17,93	165	ATATCCCGTTGGCTT CTCT	59,9	CAACAAGGACAGCT TGACCA	59,9	50	50	
539	BrPe4061	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_8 92	4	22256	22267	12	3	8	ATGTGAATTGCAACGAATTAATAGAACCTTTAGAGCGTACTCCTTCC TTTAGAAGAATGGATTAGAGTTCAAGAAGATGTCTTAAACAATTT GCTTTTCTTGTCTTACTAGGAGTTCTTGCACTAAGTGACTTTTGAA TGAAACTTTTGTAGTGTGAGATGGAGATTAAGCGAGGGAAGGAAC CCCGGGTAAATAAAGTTTCGTATAACAGAACCATTAGCGATTCTC GCTCTGTCTTATCTGCTGTCTCTGACTGACGAAGAAGGAGTCC CACTACACGAAAAGAAAGGAGGAGGAGCCCA	TGAG	S	257,95	150	CAATTGCTTTTCTCT GCTCTT	59,9	GAGCGAGAATCGCT AATGGT	59,4	36,4	50	
540	BrPe4062	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_9 46	4	3757	3768	12	3	8	TTGAAACCAAGGCATAAAGTTAGGTCCTTTCAGAAAACGCCTAAAC AGCAACAAGGTCATTATAGCTCAACAGAATTAGAGTGGCTATGA GTGAAGAACCATAGGCAATTTATAGAAGCTGAAGAACTAAAAACA AAACAAGAGAAAAATAAATAAATGAATACCAATACAAGTTTATTG TTCATTACTTGTATAAGTCCAGCAATTTGATCTCATCCGCTTTGATA AAAACTTTCCACTCCTCTTGTGTATAGGCTTGGCAGGAATTCATCA GTATTAATGAAAAGGAGAGGAGGAGGTTCTACA	AAAT	S	16,21	219	CGCTAAACAGCAAC AAAGG	60,8	CAGCAAGAGGAGTG GGAAAG	60	50	55	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
541	BrPe4063	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 257	4	256	267	12	3	8	TGGATGGAAGAAAAGGAAGTTGAGCATCTGATGAATTATCTGCATC ACTACAAACATATAACGTCAGATAATATCCGCCTGATGAGTGGTAA AGAAACTCTATGAAAATGTGCAGAAAAAATTGAATGACGGCATGG TCAGAAACAAACAAATAAATAAATGTCAGGCAAATGAAATCAAATC AATGAAAAAGATTGAGTCACAAAATGATGGCCACTTACAGTACAT CCAACAAGTAGAACAACTAGAACAACTAGAACAAATCCAAAAGG TGCCCAATTCCAAAAATATTACTCTTTATGGCAATT	AAAT	S	16,86	151	AATATCCGCTGATG AGTGG	59,9	AAGTGGCCATCATT TTGTGA	59,9	50	40	
542	BrPe4064	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 627	4	5318	5329	12	3	8	GTTTACCGAGGTGCTTTGAGTACTTGTCTTTCGCAATCATGTATG GTGGGTCTATTTTTTCTCAACCTTATATTTTCTTTTTCTCAAAG CAATATCCCTCAATCACAGGTACGAGAAAAAGTCCACAAGTT CTATTTAATTAATAATAATAATTAATTTTTCAGGTAAGTATCT AAACCTGTGCATACATGATTATGTGTGAGCATTATCCTATTGTAATT GCGTAGGACAATGACATTTTTGTGGTGTGTTAACCAACCATTGGGCC ACATGGCAGTTTATATCGTTTGTGATGA	TTAA	S	17,26	161	CCCTCAATCACAGGG TAGCA	60,9	CACCACAAAAATGT CATTGTCC	60,1	55	40,9	
543	BrPe4065	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 007	4	2824	2835	12	3	8	CATCATTTACCTGTTGTGAGTCTGCTTCTTTTGTCCCCAGATATGCCT CGTACCATTTCATCACCACCATAGTATCAGCACACACTTCAAGTCC CAGAATCTGGATGTTTCAGAAGAAAGATAGATTAATCATTATGCAC ATATATATATATGTATGTATGGATGTGTCTTAAGTGGGTTCTCAG TTAGCTACCTTAAGAGTATAATCTGTCTTACATTAGTCTCTTGGCCT TCCAGTGTGCTGCTGCGGATTCCAAGTATCAGAACACGCTTCACT GATGAAAACAATTCAGGAATTATGGTCCG	TATG	G	15,96	200	TGCCTCGTACCATTTC ATCA	60,1	caCTGGAAGGGCAA GAGACT	59,5	45	55	
544	BrPe4066	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 285	4	608	619	12	3	8	TTGCGTGACGTGAGATGGACAAAGTGGAGTTGAAACTTAAAGTG ATGGCTCCATTTAGTTGGAGTTAACTTCATTTCATGCATAGTAATA TCACTGACAGCAGATGCATGTTGACACTGTCCCCTCCATCTTCCCTG CAAAAACATGTCCTTCTTCTCCGCTTGACAAGAAAACTGAAC TTGATAGATAGAACCATCAGAATCAATGACCCCAATTATTATTAT TATTGTTGTTATTTCTTCTTCTCACCACAACAAAGTGGCTTCACTCCT TTCTTACTTATACCACCTTGTCCGCAACGT	TCCT	S	18,62	217	CGTGACGTGAGATGG ACAAA	60,7	GGGGTCATTGATTC TGATGG	60,1	50	50	
545	BrPe4067	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 509	4	6817	6828	12	3	8	CTGGATGATAAAAAGAACGTTCTTTCAAATTCACGTGAAAAAGACA TTTGTGTTGGTTGATAGAGCCTGGGGGACGGACCGTGTTCGACCCC CACAAAAGGAACTGGTGGGCTCTGCATCTATTCCAGAGGCTAAAAG GGAGAAGCAAGAGAAAGAAAGAAATGCCCAACTATGGACTGCAACT TACTTATTATTTTATGGCCCTCAAAAAAAGTTCCAGAGGCATCTTC CATTCATATCGATTGGGTTTTCCCGACCATAATTTGATCTGCCTCT TCTTCGATCCGGAATCCAGCAAAATCCTTAC	AGAA	G	257,61	198	AAAAGGAACTGGTGG GCTCT	60,1	ATTCCGGATCGAAG AAGAGG	60,5	50	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
546	BrPe4068	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 721	4	385	396	12	3	8	CTCTATTTCTTCCACGGCTATTTTCATTTTTGTTGGTGACAGTATCAG TCCCTCCTTTTCGCATATCCTGAGCATCTGCTTAAATGCTCTGCGTG TTCACAAGGATATCGTCTATGTATACGGCTATGAAATCCTCACAAATC TTTAAAGCATCCATCCATCTTCTCTGGAATATAGCCGGCGCATTTTT CAATCCAAAATGGCATTACCAGCCATTACATAAATCCTCTGGTGTA TGAAGGCTGTCCATGGTATACTCTCTCGGCCATAGCTACCTGGTGA AATCCACTTTTCAGATCAAATTTTGAG	CATC	G	284,1	228	CCTTTTCGCATATCCT GAGC	59,8	CAGGTAGCTATGGC CGAAGA	60,4	50	55	
547	BrPe4069	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 977	4	746	757	12	3	8	AAAGGCGTATGTATGTTTATATATTCGCGTGTGCGTTACCCCTTCTCTG CATGCACCACTGAGCTTCAAAAAGAGCTCCAAGAGAAAAA CAACAAGAAAAACAAGACAAGCAAGGCTAAAATTAAGATTGCT CACAGAGAAATGGAAGGAAGGAAATGTAAAAGCAGGAGAGGGAA AGAGAAAAAGGGAAAGAGAGAGGGAGAAAGAAAAAAGGTAAGAT AGAACGCTATATGTGGACTACTCGAAGCCTTCAAATGCCGAAGTA CCAAAAAGGGCTGGTGTACTCTCATCCCTCTCTCTC	GGAA	G	17,87	158	GTTGCGTTACCCCTC TCTG	59,7	CTTCCCTCTCTG CTTT	59,8	55	50	
548	BrPe4070	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 019	4	271	282	12	3	8	ACAACCAACCAATTGCAACTTAGGGCGATTGGTTGGGGCACACAA CACCTAAGAGAAAGAGAAATTTGGAACACCACACGACTGACTAATC GCATGAGGGCATAACGATCGGTCTACTTGTAACTCAACGCTAAGCT AATAACCAATGACCAACCAACCAATACACAGCTCACAAAGATTC ACGACACAAGCCAACACAACCAACTTTCAACAAAAGGCTCCAACC AAACTCAAGAACCCATGCAACAACACGGAACCTATCTAGCATCTC AACATCTACTCAAGCCTACAAGGCAACACTTGTT	ACCA	S	84,54	166	TTTGGAACACCACAC GACTG	60,6	GGTTGGAGCCTTTT GTTGAA	60,1	50	45	
549	BrPe4071	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 173	4	4282	4293	12	3	8	TACTGTTGGATCTTAAATGACAAAGACTTCTTTCTCAAGGCTAGAAA TAGATGTCTGAAGATCTACGAAGGGTTCGGTGTGTCAGTCCAGAGC GGGACCTTTTCTTTTATGATTATGAGTCTATCCTATTGAAATTT ACACAGCAACATCATCATACTATTGCGGAGACATGGTCCAAGC CCGGTGAAATGATACCCATGACTTCTTTGTACCGGGTCCATTACT TTCTTTCTTTTCCAAAGGACGAGTAAGAGTGATATAAATCCGTTTC CCAACCAACGTCGATACCGGCCACATCAG	CTTT	G	1.010,55	100	GGTGAAATGATCACC CATGA	59,1	TTGGTTGGGAAACG GATTTA	60,2	45	40	
550	BrPe4072	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 173	4	4364	4375	12	3	8	CAGTCCAGAGCGGGACCTTTTCTTTTATGTTATGAGTCTATCCTT ATTTGAATTTTACACAGCAACATCATCATACTATTGCGGAGACA TGGTCCAAGCCGGTGAATGATCACCCATGACTTCTTTGTACCGGG TCCATTACTTCTTTCTTTTCCAAAGGACGAGTAAGAGTGATATA AATCCGTTTCCCAACCAACGTCGATACCGGCCACATCAGGAAAG GGATCGCCATGATCAGCATCAAGCTTAATGGTGAATCCATAGGAGT ATCAACAGGGCGAGCACCGAGAAGCCAGTC	CTTT	G	1.010,54	191	GGTGAAATGATCACC CATGA	59,1	GTGCTCGCCCTGTT GATACT	60,3	45	55	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
551	BrPe4073	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_3 382	4	319	330	12	3	8	GAGCTATTTGAGCAGTAATTCAGGGTACCCGAGGACGGCAGCAGAT ATAGAATCTATGACATCCGAGCCAAGGATGAGACTGGCAATACCA AAAATGAGAGTTGAGCCACGAGTTGAGAATCAGGTTTCAGACAGAGA TGTCGATGCATGAGACAGACAGACTCCTAGTGCAGATATCTAAGTT ACTGAAGGA	AGAC	S	63,34	158	GAGGACGGCAGCAGAT ATAGA	57,9	TCAGTAACTTAGAT ATCTGCACTAGGA	57,2	55	37	
552	BrPe4074	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_3 699	4	1912	1923	12	3	8	CACTAACAGAGAGAAGGAAGCCTAAACAAGTGAAAAATAGCTG CTTAAGCGAACCGTTACCTTGAATAATAGGGCTGGCTTTTAAAGAG TTTCAAGGATTTTACGCTCGCGAGTACGCTAATAGAAGGGGAAA GATAATAAATAGTTTCTTTTCAAGCCAGCTTCATCCAGTTCGGT GGCCGCCGCCGTG	TTTC	S	017	180	CAGAGAGAAGGAAG CCTAAAAACA	59,2	CACGGAAGTGGATG AAGCTG	61,8	43,5	55	
553	BrPe4075	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_3 747	4	541	560	20	5	16	TCTACTCAAACAGAAAAAGAATGACATGGTTTGAAATTTTAAA AACATGTGATACCATAAAATTTAATTAATTATTTAAATGAGGAA ATTAATTTCTTAAGCATTATCGCTACTAATTCCTACTATTGGATC ACTAGTATAAAGATAGATAGATAGATGAGCAACAAGGGG ACCCTTTGGACTATCTTTAAAAAATGCTATCAAACAAATTAGAAAA AAAAACAAAAAGTGGAGTGAGAAAAAGAAAGAGGAAAAAGTG AAAAAGATGGGATGGTATGGTCCATTCTGTATAGTAAGTTTG	AGAT	S	15,22	194	GCATTCATGCCTACT AATTCCA	59,1	TGGACCATAACCATC CCATCT	60	40,9	50	
554	BrPe4076	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 349	4	324	335	12	3	8	ATGGTAAATAAGTTTTCTTTTATTCTAATACATTAAGTATTCAC CTATTGATTTTTAAAAAATTCGAATTTCTTTACAAATTTTCACTAA TAATATAAAAAATATCAAATTAATTTGTTTATAAATTTTGATT TAGTTAATAATTAATATCTATCTAGATATAACGATACAGTATTT TTGTAGTAATTTCTTTATGCTTGAACGCAACACATGCTGTTAATT AATTTAATAAATCTTGACGGTTCTTAATGAGAGAACAAATTTAT CTGAAACCCGTTCTCGGTTTTTTTAT	TAAT	S	12,81	159	TTCGAATTTCTTTTAC AAATTTTAC	59,1	TGTGTTGCGTTCAA GCATAA	58,9	23,1	40	
555	BrPe4077	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 699	4	480	491	12	3	8	GTTCCTATAATTTAGATGAACAATACACGCTTGTAGTTCTAATGTT TCGTGCGAATGCATCTTCAGTTGGCAAATTTCTGCTTTTGCTACAGTT CATTCTGTGGTGTCTGATGGGATTGGTTATGTTGACTGGACAAGTT TGTGGTGAGGAAGGAAGGACTCAAATTTGAAAAATGGAACCTCAA GAGTTGGTCTGATCTCGGCTCAGGGCTATCTAATTTTAGAAGGCT AAACTTTATCCAGTATGTAGTTAATGTTCAATGCATAGCATTCCCGC ATCTTCATGTGAGGTGCAGGGGTGAGGCC	AGGA	S	13,77	184	GGTGTCTGATGGGAT TGGTT	59,6	GAAGATGCGGGAAT GCTATG	60,6	50	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
556	BrPe4078	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 100	4	1252	1263	12	3	8	GGTTCAAATGAGCATTTTAGTICTGGTGAACCGAAGCCAAACTGCTT AAGGACGATATTAATTAGGGCTAATCACAAGACGACATCTTTTCGAT GTCTTTCGTCTGAAACAATTATCTTTTCGAGTTAATAATTTTCGTGA TTTGTAGCTGTACGTACGTACAATATTCCGAAAATACAACCGCGG AATCTTCTACAGTAGTGGTGGTGGTAGTGAAGATATAACAGTTGTA TTATCAGCAGCAGCTAGCAGCTGTGACAGCGCCCGTTCATGAC AGTAATCGTGTGTGGGTTGGGTGGGCACTG	GTAC	G	17,5	168	AACCGAAGCCAAACT GCTTA	59,9	GGAAGATTCCGCTG GTTGTA	60,1	45	50	
557	BrPe4079	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 867	4	245	256	12	3	8	GTCCGGACGAACCCCTACAGATCAAAAACCTATTTTCCAGCAACT TCGGCCCTATTGGGGACCCCTACGGGTCTCAAAAACCTACCAAAAT TCATCCGCACCTAGCTGACATACAGGCTACCAATCCCAACCAGAA ACACACCAATCCAACCAACCAATCATGAGTTATGAATTTCAAAGA TGGGCATTTGAAACAAAAGTCAAAAACAGGGCAGTAGCCCTAAAT ACCAAAAATC	CCAA	S	1.093,43	158	CGGGTCTCAAAAAC TACCA	60,0	AGGGCTACTGCCT GTTTT	60,1	50	50	
558	BrPe4080	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_7 441	4	292	303	12	3	8	TTTGTACTGCCTGGGTGGATAGCATAAGCAGAAGTATGAGCTCCAT CAAGATGCTCTACCTCAACTGAGGATCACTGGGTACACAAAACCTTT CTTGAAACACGAGGATACCATCACCTCGTATCCGGTACTCTGCTATG GTGCTATCATTGCTTGCCTTTCCTATAATCTTGCTCAGTACT AGGTCTTCTACTTGCTTAACTCGAATCTCATCCAACAACACTGGCCT TGCCACAATGCGGGCTAGCAATGTTCCACGATCATCGACATCCAAT GACA	TTGC	G	131,93	234	TTTGTACTGCCTGGGT GGAT	60,4	GCCAGTGTGTGG ATGAGA	59,7	50	50	
559	BrPe4081	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_7 633	4	3035	3046	12	3	8	AGCATCAATAGTCATGACAACCATAGATTTAAAAACCATAAAAA CACCACATTTCCGATCATATAGTTGAGATGCTTATATATTATT TTATGCATTATCTAGGATCTTTTCTTTTTTTGGAACTGTATTCTCC GGATGTTAAGAAAGAAAGAGCAAAAGAACATACTGATCCATACCAC AGGGCATGGTACACAGTCCACAAGATCTGCAGTAATAGAAAGAT ACAAACAGCAAATTAAGATCAGAAGTCAAGAAATCAGGCAAAA ATCACAAGAAAGAAAGATGAATAATGATCA	AAGA	S	15,87	156	GGAAGTGTATTCTCC GGATGT	59,4	GATTTTTGCCTGATT TCGTGA	60,1	45,5	38,1	
560	BrPe4082	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_7 829	4	4062	4073	12	3	8	AAAGAGGGTTAAACGTACATCAACCCCAACACTGTGCTCCTACA TTGTATTTTATAAGAAAGAAAAAAGAAACAACATTTGGATCAT TTCTATCGCTTCCATCACCCTCTTTTCTATCTATGACTGCAAAAAGT CCAACAGCTTCTCCTTCCCTCAACAATCTCATCAAGAAATCATCG AGTTGTCCAACAATATTCTCAGCCCCAGATCTCAAGACCTCAAAAAC ACCCTCTAAGTTCTCCACTCTTCCCTTATCCCACTCTGTTTCCC AGTCCACCAGCATCCCTTGCCCGCACTTCT	CTTC	G	16,54	177	TATCGCTTCCATCACC CTCT	59,7	AGGTGGGATAAGG GAAAGA	59,8	50	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
561	BrPe4083	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_8 365	4	5240	5251	12	3	8	TTTGCACTGATGAGCCATTTATCTGTTTTCTTTCAAGTGATTGAA TTCTATTTGCAATGGTACTGTTTTCTTTCTCATTTTTATTTCCCATC ATACAACAAAGAGTAGCACAAACTTTCTATCAGATGTATCACATTTG ATATGTCATGCATGCATGTATGGACTATATGATAAATGGTTTGTGTTG AGAACAACATAATCATGTGACTTTTGATTTTGAAGCTATCAATAGA TACAGGAAATGTCCGCTCTTCGCTATGTTGCTTTTGTCTGATGTA GTAAGCTTTTGTTCATACGTCATG	CATG	S	18,56	173	CCCATCATACAACAA AGAGTAGCA	60,4	TAGCGAAGAGCGGA CAATTT	60	41,7	45	
562	BrPe4084	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_8 506	4	875	886	12	3	8	TTCATAATTGATTATTTTTTATAGTGCCCAACAGGTAGAGTTTCA TTCAAGCTTTATGACTGGAACCCAGCAGAAATTTCCAGAAAGGCTTCG GCACCAGGTATTTAAAGACTTAACATTAGAGTTAATGTCTGGAGG AGAAAGACTTTATTTAATGATCTGGAGTGTCTGGAATTTGTTTT GACATGATGTAAGGGTGATTGCAGATATTTCAATGGTTGGCAAGCA TGCCTGTGAGTTGGAGGGATATATTCGCCCTGGGTGTACAATCTTG ACTGCTTTCATTTCCATGCCATCATTGTG	TTTA	S	19,12	232	CAGCAGAATTTCCA GAAGG	59,8	GGCATGGAATGAA AGCAGT	60	50	45	
563	BrPe4085	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_8 763	4	687	698	12	3	8	ACATGAGTTGGTGATCCCTGTGAGGAAATGGATCCATCCTTGAA CCTTAGACTCTCCAAGACATCTCAGGCAITGCTGTTCACAAGCC TTCTTCCAAAAATGATTTCTTTGTGCTAAAGCGGCCATTGAGAGG GACAAAAAGGTTTGTGTTTAAAGAGCAAGAGAGTAATGAGAGT TTTAGAAGGTGAGGTGAGTGTGTTGTGATGAGGCTTGGAGTCTTT TATAGCCAAAAGTAAGTGGGAAATCCGAGATTTGAATTTCAAAC TCAAATTTCAATCTCAAAGATTGAGCATATTA	GTTT	S	28,77	159	GGATCCATCCTTGA ACCTT	60,1	AAAACCTCATTAC TCTCTTGCTCTC	58,1	50	38,5	
564	BrPe4086	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_9 280	4	1079	1090	12	3	8	ATTTTCTATTTCTGAGAAATTCGATTTTAAATAATAATCCACCGA CATGTGTCGCTTGCAAATGGTGCCACATGTTATAACCAGTAGACGC CTATGTTCCCTCCTATTTATACCGGCCTGAACCTGACCCATTAA CGGAATACAGAAAGAAAGAACTCAGTTTGGAGTGAACCTGACTGGGT TAACAACCCAGGTTATGACAATACCGACGTTGTGGATCGCCAAAA ATTTGAACGGCCAAGTTGGCGGTTTACGACGAGACACCGAACCAAA CCTATATTGAATTAAGCTCGTTCAACAAGCA	AGAA	G	14,7	171	ATTTATACGGGCCT GAACC	60,0	GTTTGGTTCGGTGC TCGTC	60,6	50	55	
565	BrPe4087	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_9 285	4	4576	4587	12	3	8	ATTAATCTCGCTCAGCAACTTATTCATCAACAATGTCAATTTTCATA TAACAACAGTTTCAAGCACTCACTCAAGAAAAAAGCTCTTCAA GAGTTTCAATAACTAAAGAAACGGGACCAATAAGTTCTGTATA GATTTTATAATTATTTATCATCTATGTAACAACAGTAATGCA GCTAGTTTGGTTGGCAATCAGTTTATTGAATCCATAAACCAATGA AATAAAACCATATGATACCTCAAAAAACATAATAAAACTTTCAAAC TATAAAATCAACAAAAGGAGACCAATCAAATCA	TTAT	S	17,69	196	AAACGCGGACCCAAT AAGTT	60,7	TTGATTGGTCTCCT TTGTTGA	59,6	45	36,4	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
566	BrPe4088	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_9 361	4	4270	4281	12	3	8	CAGCCGTGCTGTAGATCAGTCTTCTTGCTGAAAAATCAGATCTCCACTG TAAATTACCATGGGGAGGTGCCAGCTGAACAGAGGTGAGACATGGA AAATGCTTATTGTCTTCTAGACAATTTTTGTTAAGTAACTGAGGT CAATGAGGATCACTCACTCACTACTCTAGTAGTTCTTATATTTA TGGAAATTCATTCGTGTTCTGGGGTTATAGTGCCGACAAGCATTGTT CAGCTGGATATATGCAGTATACTGAAATGCGTGAATTTTAACTGA CTGGCAACCCATGTTGCTTTTTTAATCCCA	TCAC	S	18,88	229	CCAGCTGAACAGAGG TGAGA	59,1	ACATGGGTGCCAG TCAGTT	60,4	55	50	
567	BrPe4089	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_9 641	4	1167	1178	12	3	8	AACCCCTCTGCTGAAATAAATAGTTAGTTTCCGAAAGATCGTAAA AAAACAATAGTTTTGATCGAAATCCGAAGAGAAATTAACGAAATA CCTGAGATCCAAGTGTAGTTGGGAAAGGAAACACCCACAGAA GCATGTTGTTGGTGTAGTGTAGTTGAAGCTGCAAGATGACCTGAT GGAGCTGATCTCATATATGGTTCTAAACTAAGCTCAACAGTAACA TATAGCCTTTCCCGTTAACATAGTACTACGCATCTTGTATGCAGCAA AAGTACTACCCCATCTCTTGTATACAGCA	GTGA	S	14,9	166	CCCCACAGAAGCATG TTGTT	061	GATGGGGTAGTAC TTTTGCTG	59,9	50	50	
568	BrPe4090	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_9 793	4	4998	5009	12	3	8	TATTACAGTTAGAGATAAATGTTCTTTGACTGAGAATGGTAAGTGT AGAAAAATGCCCTGGAATAGTAACTCTTCTTTCAGAAATTGCTTAAT TCACAACTCCATCTTGGTGTAGATCTACCTGCCACTGGTGTTCATA ACAACATTGGCAAGCAAGCAACAATACCAACTGGTTCGAGTGTCTGA CTTTTATGCTAATCCCTCCGTAATGATTTTACTGTTACTTTAACCCAC TTTCCATTCCAGCTGTAAGCCAGTAAACAGTGGTACTGGATCAAG AAGTTGCTTAAGAAAAAACTGATGTCGATT	GCAA	G	18,51	168	CTACCTGCCACTGGT GTTC	59,7	CAACTTCTTGATCC AGTCACCA	60,1	55	45,5	
569	BrPe4091	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_9 815	4	959	970	12	3	8	GTTGCTGTCTCTATTAGCCTCACCATTTCTGCGCAACTGAGCTGAG TTCATCTATTCTTGCAACTCCATATCTGGAAGCTCCGAAGGCATAA CAGCCTTAGAATTGATTGCTTCAGCCTCCCTAAATGAGTCTCGCAGA ATAAGTGAATGAATGAATGGCATCCATTTCTGCATTTTCCCATGG CAAACCTCCGGCTTCCACCATTCTAAAAAAGCTATGAATGAAGAT CGCGGAT	AATG	G	16,72	157	CCGAAGGCATAACAG CCTTA	60,2	CCGCGATCTTCATTC ATAGC	60,7	50	50	
570	BrPe4092	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 0041	4	1593	1608	16	4	12	CCAAATCCTTCCCTCCAGAGAAACCACCATTACGGAAACATCATCA TGATATTTACGTCTATCGCCATGCGGAATATCGAGCAACTCGTGAAA ATCCATTCTGCAACCAATAAGAAGGATTAAGAATTGGTGCAAGG GCTTTAAATGAGAAAAGAAAAGAAGACAGTGGTTCCAGGAACCA GGATGCAGGCACCTAAAATACAAGACATCATAAGGATTCATCAGTT TTTGACAATTGGGTTTCTGATTAAGAAGAGTAGCTATCACCCCTCCA CCGTGCACAAATCAATGAGCTGACTCAGGCCTTTGTGAC	AGAA	S	17,43	184	GAATTGGTGCAAGGG CTTTA	60,1	AGGCTGAGTCAGC TCATTG	60,6	45	55	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
571	BrPe4093	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 0819	4	1329	1340	12	3	8	CAGTATCAGAAAGATAGAAGCAGTAGAACATACATCAGGCATTGATT AGGGTAAGCATGTAAAAGTAAGATAGTTCCATGACGTACAATTTA TTTCCACATATCCTTGTAAAGACTGCAGGTTTGATACAAGAATATACG CCATCAAAAATAAGAAAGAAAGATAGGCAACATGATGACAGTAATT GGCAAAAACCACACATACCGCAGCAACTGTTGTTTGGAGAGCTAG ACCATGAACACGAGGCAAGATTGCTTCTTTACAAGCTGCAAGGAA CAAAAAAATAAAAAATCCAAGATTATTCTCA	AAGA	S	18,47	223	CAGGCATTGATTAGG GTAAGC	58,7	AAGCAATCTTGCT CGTGT	59,9	47,6	45	
572	BrPe4094	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 0942	4	1854	1865	12	3	8	TAATAACACTGGGAGCAGTCGAGCAGCAGATTTTGATAGAGTGTAC GGGCATTCAAAGGGAAACTTTTTTCAGCAGGACAGTACTCAATATC CGGATCTTGGGCTAAGACTGGGAAAAATGGAATTAGCAAAGGTGG TGAAAATGTGGGAACAACAACAGAAAGTTGGTGGATTACTTTGCT CAAGCTGATAGAAACCGATTCAATAGGAACCAACTGGAAAAAATCC ACACAGCTTCAGGACGAGGGCATTCTTCTTGGTGAAGGAAAAATC ATTAGTGGACTACAACATACTGGTTTCAGTCTAG	AACA	G	16,98	223	AGTGTACGGGCATTC AAAGG	60,0	AAGAAGAAATGCC CTCGTC	60,6	50	50	
573	BrPe4095	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 1493	4	3931	3942	12	3	8	AGCTTCTCCAGGATTTCTCATATCACAGATCCAGAAATACGCATGG CTTTCAGAAAGACTATCATCATTATTCTCAGATTTCCAGGGCAGC CTTCACACTAAAAGAGCTTGGAAAGACCTGGTAACCAGGAAACAAA TAAGGTAACATGGATGGATGGGATTCATATGCAAGAAAAAGAGA AAAAACAAAGAAGATTTTGATGGAGTCAAAAAGACCTTGATATCCG TAAGCAACTTGTCTTGTGATAAAGTGGCAAGTTTAGCTTCCCTTCA TTCATCAAAAATATCTGAGCACGGGCCATTTCA	ATGG	S	17,65	218	AGGGCAGCCTTCACA CTAAA	59,9	GCCCGTGCCTCAGAT ATTTTT	59,2	50	45	
574	BrPe4096	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 1578	4	4248	4259	12	3	8	AGCACATATCTTCTCATGACCCATCAAGTGTGCAGGTAACCTGACTA AGAGTGTGAAAGTGTGTTAATGTTGATCTTGAAGTCTTCCCTGATA ATTTATGATTTCCATTCCGATAGCATGGGATGCCAATCTTTCGAT AATGATGCTGTGGTGGTTGCCTGATGTTGGAGGTCAAAGCCAAC ACAACTTTTGATGCCTCTGCTTCTTAAATGCTCTGAGGTTTGT AAGTTGGTGGGAGAACAATTGCGTACTTAAACCTAATATTTAGTT TAAGAGAGTAATATTATGCAAGCCAGAGA	GTTG	G	17,46	175	CCCATCAAGTGTGCA GGTAA	59,6	GTTTGTGGTTGGCT TGACC	60,4	50	50	
575	BrPe4097	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 1884	4	1264	1275	12	3	8	TCAATTATATATTCAAGGATGGCGACATGTGAGTTAGGCATTTTCA CGATTTTAAATGGCCGGAGTTTTTAATTTGTAGGTCAAAAACTAG AAATGCACACTGATGCAAGATGTGATTCGATTAGGATTTATTAGTTC TTATGCAAAATAGGTAGGTAGGATGGTTAGGTCAAGAACCATTCA CATGCATAACTAACTAAAATCCGATGCCAAATAGGAAGCACTAA ACTTCGCCAGAGATTAATGGCCAATGACAATCTCGTAAAACATGA TGTAATTCATCCTTCTGCGTCTCCACAATA	TAGG	S	15,56	176	GGATGGCGACATGTG AGTTA	59,5	GCATGTGAAATGGG TTCTTG	59	50	45	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
576	BrPe4098	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 2468	4	2175	2186	12	3	8	ACAATAACATCATTTCGTCACCCAGAGGATCTTCCAACCTTCATTGGA GACTAAAAATCACTTTAAAGAGAAAAAAGAGGACAAATTGCGGTTT TTTTTAATATAAAATTTTATTGAAAAITTAAGAACAACAAAGAGAAAT GCACCAATCAGATCAATCAATCAGAAAAGATGAAATAAAAAGCTGA CAGAGAATAGCAGTTGTTCTTTCTTTCTTTTGGGAGTTAAGTGTGAGC ATAGCTACTTGATTCTTTCTATTGCTTTTCCGGTGATGGGTAAGTG AGCATAGCTACCAAAACCCACACAACCAACAC	ATCA	S	16,23	108	CAACAAAGAGAAATG CACCAA	58,8	TGCTCACACTTAAC TCCCAAAA	59,8	38,1	40,9	
577	BrPe4099	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 2570	4	1883	1894	12	3	8	TAACCCGTGTGGTGATTTTGACTAAGCTTTTCTAGCATTTGTTACTTT ATGTAGGATTCCTGGATTCTCGGAAACAGCTTGACCTCATTTCAAA TAGGAGCACTTTGTGGACTGATTATGGACTCCGATCCTTGCAAAAA CAAGGTGGTTGTTTGTGTATTTAGGCATATGTGGTTTCTTAAG AGATACCCCTTTTATTAATAATGGCATTCTGAATCCTTTATGCAATAG TTCCTTGACATGAAACGTAACACGGAGCATGATCCACCTTATTGGA GAGGCCGATTGGATGAACATGAATTAC	TTGT	G	16,9	231	ATTCTCGGGAAACAG CTTGA	59,8	AATCGGGCTCTCC AATAAG	60,4	45	50	
578	BrPe4100	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 2573	4	4564	4575	12	3	8	ACTTTATCCTTCACAAAGTACAAGAAAGTAAAGAACATGCTCTTAT TCATACTGTGTTATCTTGAAAATATTGACCTCTTTAATTCTCAGG GGCACTCTACAGAGGTACACTCTGTTTGGCTGGGATGTAATGGAGA TTTCTTGGCGTCAGTCAGTCAAGAGTCTGTGAGAGTGTGGTCATTGG CCTCGGGAGAATGCATTCATGAACCTAGTACCAGCGGGAACAAATT TCATTCTGTGTTTCCATCCAAGCTATTCCACCCCTCTTGGTCATTGG AGGTACCAGGATTGCTCGTGTCTTATAG	GTCA	G	19,11	150	GTTTGTCTGGGATGTA AATGGA	59,8	GGTGAATAGCTTG GATGGA	59,9	42,9	50	
579	BrPe4101	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 2620	4	3567	3578	12	3	8	CGATAAACTGAACCCCTGAAAAATACTGCTTCTTGACTTCTCTGTAA TCTCTTGCAGCATCAGCTCGAGAAAGGAGCTCAATAACCTGATCCA AGAAGAAAAGTTCAGCTCTTCTTCTATTAGCAGCTTCTTCTTTT CCCTCCTAAAGCTAGCTAGCTTTTGCTGATCTCTGAAGTGTCTACA GGGATCCCCACTGCCCTGGCTATTTCTTCAAGCATGTCATTGCAAA CCCTGATCAAGTTTCTGATCCGAAGGCCCTGGTTTAACTTGTCCA CAATTTCAAGCTGAGAATGTGAAGTTCAA	AGCT	G	16,22	207	GCATCAGCTCGAGAA AGGAG	60,2	CCTTCGGGATCAGA AACTTG	59,7	55	50	
580	BrPe4102	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 3044	4	1611	1622	12	3	8	GGCTAATATTTTCGGCACGTTTCTCACATTTACATACATAAACATG ATTTTCTGTGTTTCAACCCATGGGTTTAAATGGCATGCAGGACTTTA CATAAATCTGACATTCCTTGAAGGTTAAATAACATGCAACTCATA TCCTATGCACAGACAGACAGGACAACAGCAACAACATGCTGATAA TTTCTTGAATCACAATTTTATACTAACAGATGAAACAGATAGTGA AGCATGCGAGTTTCTAAATATACACCATAAAACCATTAAGTATACC TTCTTTGCTTGTATAAATTGTCATAAGTT	ACAG	S	17,43	177	ATTTTTCGGCACGTTT TCTC	59,2	TCAGCATGTTGTTGC TGTTG	59,5	40	45	

G: genoma funcional
 S: genoma estrutural
 P: polimórfico
 M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
581	BrPe4103	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 3391	4	749	760	12	3	8	GTCAGTCTCTGGAGTCTGAGGAGACTATAAACGAAATCATTCTAT CAAAATCATCATTTTCAATCTGTGCTCTTCGATCACCTGATCAAGT AAATCACTTAATTCTCGGGAAGTTGCTTTTCAGCTTTGGAACCAATCC TGTGATGTAATCCATCCATCCCAAGCCACTATACATATCCCCAAAAC TGAAAGCCGCAAATTGTTCCATCAGCTTCTTGTCAACTCCCGAAC TTTCTCTTGCCAGCTTCTTTCAGCTTTTCGACCAAGAACACATCTA GAAGTTACGGTGTGAAAGTAGCAGTCAA	ATCC	G	12,14	173	CCTGTGCTCTTCGATC ACCT	60,4	GAAAGTTCGGGGAG TTGACA	60,1	55	50	
582	BrPe4104	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 4068	4	7024	7035	12	3	8	AAAGTAACTTTTCTCACAAAATTTCCAGTTATATTTTCATGATATC TCGAATCTTTGTTTCTTATTCCTGTAAAAAAGCAAGCAAGCGCGT GATTTTTTTTGTTAGAAAAGAAAGCCACCTACTTTGCATTTCTGTA AGTTTCTCAACAAACAGAAAATCAACCAATAACATCATCCA CACCTTCACTCGAAGAAAGAAAGTTAAAGCGTGGATATTATAAAAA TTAAAAATCACAAAAGGAGGAGAAAAACCAGCTCCTTTTCATTTT AGGATTCTCAACCAACAGACACGAGACAAGA	AACA	G	16,78	104	GCCCACCTACTTTGC ATTC	59,9	CCACGCTTAACTTC TTTCTCA	59,9	50	39,1	
583	BrPe4105	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 4664	4	2446	2457	12	3	8	CCTACCATTGGTTTGTCCCTTTTCTCCTTGAATGAATCGTCTTCATTT TATGCTTCCATTATACTATGTGATGTATAGCGIGATCTCTGTTTGG ATATGAAATCATATAATCGAACAGTTCTTTGCGAACCTTTCACCGAT TATTATGTTGTTTGTACTGTGGAAATGCGCTTTTGTGTTGCAAGT GTTGATGTAGAGGTACATACATTCATTCGTTATCCTTTACTCTTAAG CTTGTTGTTGATTACCCTGTTAGCTTTCTTTCATCGGGTCTTATGTGA TTTTTTGTATTTAGTGCTCACAATAC	TTGT	G	15,14	160	TTCTTTGCGAACCTTT CACC	60,2	AAGACCCGATGAAG GAAAGC	60,6	45	50	
584	BrPe4106	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 4716	4	156	167	12	3	8	AAGCCGAGTCTCGTCTGAGCATCACTATTGACGAAAACGTAGGCGA CCTAAGAATTTGGCTTGTCTTCTTATTTCTTTGGTGCTTTAGGGTTT TTCTGACAGATAATTAGATTGAATTGGGATATTAATTTTGTGTCAT TTATGGAATTGAATGAATGAAGGTAAGGCTTTCAAGGAAAGGGGAG TCGCTAGCATTACTGCAAAAAAATTTGGGCGTGTATTGGCGAAGG TCAGATTTTTTCTGTCTACCGCTCAAATTCGTCAATCGAACATCAC CTGTGAATAGTTTTATATGTTACGTTTCTG	TGAA	S	17,51	151	GACCTAAGAATTTGG GCTTGC	60,1	GCTAGCGACTCCCT TTCCTT	60	47,6	55	
585	BrPe4107	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 5182	4	960	971	12	3	8	TAATTCCTACACCTTCTAGAGCACGTCCTTTAAGAAAAATGGCATC TCATTCGCCCATTTGAAGCATTATAACGGTAAAGTGCGATGATGC GATTAAGCTAGCTCATGGAAGAAGAATTCATGGCGCCAGGGCGCCT GTCAAAATTCGATTGATTGATTAACCATGTTCACTGTGAATATTGGA AAATGGTTTGGCGATTGGTATTTTCATTACCATCTGACAGAATATAC GTAAACTAGACAGACAGTACCAGTTGATTAATTTGGTGGTTATTA AACATCAACGTTAAACATGTGTAACACAGA	GATT	S	15,57	154	AGGGCGCTGTCAAA ATTC	62,4	TGTTTAATAACCAC CAAATTAATCAAA	59,1	52,6	22,2	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
586	BrPe4108	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 5778	4	2110	2121	12	3	8	GACTGCAGCTCGGTTGCTATGGTCTCGAAGTAATCTACATTGAGCTC CATGAAGTCATGACAATCTGTAATGCACCATGCTCCTCTGTGTGCA TTTTCGAAACATGGTCTGTGTGTGTCAGGTGATATCTGATGACCTTA GACAATCTCCTTGGCTTGTGAGACATTCTTCACCGACAACCTGCT GTAATCGTAAGGGTTGGAAGGTGATGATGATGCATTGAATGTTGAC AGCATAAACGGCACAGTTTGGGGTAAAGGGTCGATTGTCATGCAA GAGAAGGTGACTGGCTGTGTGTGGGGCC	CTTG	G	17,78	204	TGTAATGCACCATGC TCCTC	59,7	ATCGACCCTTTACC CCAAAC	60,1	59,7	60,1	
587	BrPe4109	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 5821	4	2446	2457	12	3	8	TAGTTTGCATGTTAGTGATTTACGTGATAACATCACACCTTTGCAAT GCCTCAAAAATGGACCAATTTATGCTTTGTTCCGATGAATTTGTGGA CTGACAATTTGCCCTAACTTGTGGCTTGCTAATAGTGTGTCTGTAT AATTGCTAGAAGAAAGAAAGACATTGTCAAATGGTTTCATTAGTA TTCTTCTGAGTAGAGAGGGTTCTTCCATTGAAAAGTAAATGT CAAATAATTACAATGGATCCATGACCGTAGCCGTCGTGGTTGAAAT CTGATGCTTGTGACTGACAAGAATGCTTC	AAGA	G	16,37	236	ATGCCTCAAAAATGG ACCAA	60,3	ATTCAACCACGAC GGCTAC	60	40	50	
588	BrPe4110	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 5969	4	1304	1315	12	3	8	ACTGAATTCTGCACATCAACCAACTGCCATTGATGTCAGCAGGAC CAAAGTATCTTTCTGTAATCTTTTATGCAATATGGATACAAAATGA TTTATCTTCAATACAAGGAAACGACTGTTCAAATGTTGTTTCTC CTGTGGCTGTCTTCTTCTCGGTTCCATATTACTCATGTTCTCTGT ACACTTCTATGCAGATATGAGTACAGATGGGCTGATGGAGTCATCA TCAAGAAGCCAATTGAGGTGTCTGCTCAAAATATGTTGACTACCTG ATGGACTGGATTGAGACTCAGTTAGATGA	TTCT	S	16,47	197	TGATGTCAGCAGGAC CAAAG	59,8	TCCATCAGCCCATC TGTACTC	60,1	50	52,4	
589	BrPe4111	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 6166	4	9170	9181	12	3	8	AACGCGATCAAGGATCAAAATACATCTGCAATTTAGTGCTTTATCC TAAGCACTCAGTACTGATTAGTACATGAGCATTCTTCTGCATATTTTT GTAAAGCCAAATGAATTAGGAGATCTCAGAGGATTAATACGAAAGA ATGAAAAGAGAAAGAAAGAATATCTTCATCAAGTATGATCAGAAT ACACAATGGCACCACAAGAAAAGGACTGTACAGATTTACGCAGTT ACAAGGTGACACAATACTCCATGCTTTTTATATATCACCATTGACT ATGTTTCTATGATAAACAAAACAAACCTCACT	AGAA	S	15,8	206	ACGCGATCAAGGATC AAAAT	59,5	TCTTGTGGTGCCAT TGTGT	60	40	45	
590	BrPe4112	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 6723	4	3762	3773	12	3	8	TGCATTTGGCATGATGTCACAATCAATTAATCTTAATAGAATGGTTA TTGCATTAAGAAATACAGCTAGAAGTTAATTAATGAAAATACTCGA CAGTGAAGACAAAAAGTAGAAAATTTGTAACAACCTGACGACAAAC ATTAAACATAAGAAAACAAACAAACCTGACATTCTTCCACAATCTG CATGAGCATCATAAACATAGACAGGTAGCAGCTCGTGGTGAATAAAC TACAATGGGTGGTGAAGGAGGACCTATAAGAACAGGCATGCAAG AAATAGGGTAAAAAGGTCATTTTATACTATAAATAAA	AAAC	S	17,33	171	TGAAAATACTCGACA GTGAAGACA	059	CTCCTTTCACCACCC ATTGT	59,8	37,5	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
591	BrPe4113	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 7161	4	492	503	12	3	8	ACAGAAAACGGATATGGAAACGGGGTCTACTTTTTCTCTCTAGTG GAAGGAAGTGGGAATTAAGGGAATATAAGAAGCAAAAGGAA TATAAGGAGAGACAAACCTTAATTCCTTTGATATGTTGTTATATGGA ACGGAATGGTGGATGGATGGACTTTGAGTGCTGCTCTATACT CTTAAATCTCTTGTGGTGGTGGGGTGGTAAAGAAAATGCCA AAAGAAAGCAGAACCTTAGCCTTGACACTATCAAATGAATCTCCCA ATCTCTTCCACTTGGACGGGTTCTGGTAAACG	TGGA	S	14,01	107	GCAAAAGGAATATAA GGAGAGACAA	59,3	AAGAGTATATAGAG CAGCACTCAAAA	57,3	36	34,6	
592	BrPe4114	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 7344	4	2770	2781	12	3	8	ACATGTTATCTGTCTCCCGTGTGAGATTTTGAGACCTCTTCATC CCTAGAAGACATAGCCAATATTTAGTCCCCTGTA AAAAGTAAACAA AAATATTAAGTAGAAGGAGCAAGTTTCTTACATAGTTGCATGGAAA CATGGAACCTCTAGCTAGCTAGTCTTGCACGACCAGTTGAGGCCTTC TCGTTCTCATGATTTTGTGAATAATTTAGAGTTTAAACACGGTCC TCTTCCACCATCTCTCAGCACATCGTCTCGATCTTTTCGGCTTGC CACCGAGAAGGGTCTCGGCAACGCCTG	CTAG	G	15,05	178	CCCCGTGTGAGATT TTTG	60,3	GAACGAGAAGGCCT CAACTG	60	45	55	
593	BrPe4115	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 7784	4	371	382	12	3	8	AAGGAAAAACAAGGTTACATGTCCTTACTCTATCTGCCCAGA GGCACC AAGGTTAGCCGATATATATCAGTATACGTA AATAGTGG CTACATATTGCTTACAAAATATGTGATTGAAAATGATTATTAAGTTG TTTTGGCTGGTATTGATTGATTGCAGAAATGATAAGA AACTCGATCATG CTAATGTCAGCAATGAAAATACGCGAGCTGAGGGGTTATAAGGAGT GGTTGGAGAAGAGAACAGAGAAGCTGCAAGGGAGATTGAAGGCAA TGGGAGGGAGAACCAGGGAAGTACAAAGATTACG	ATTG	S	19,44	153	TGATTATTAAGTTGTT TTGGCTGGT	60,2	ATTGCCTTCAATCTC CCTTG	59,1	32	45	
594	BrPe4116	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 7859	4	5127	5138	12	3	8	AGCATTGCAAAGGATAATCCACTCCTCAACCCAAGTCTGAACTCCT CTTCTGATGGTTCAGCTGGCAAGTCTTTAGTGCAACCAACCCCGATC ATTTTCTCAACCATCCGGCCGCTTCATATCTTCTCGATGCTACAAA ACAACAAGAAATAAATAAATTTAACCTTCTCGACTTCCGATCAGC AATGTAAGCAACATTGGAGAAGAAAACCCCTATAGCCAATCTCTT TGTGCCTCCTCTC	AAAT	S	16,43	168	TCCACTCCTCAACCC AAGTC	60,1	CTGATCGGAAGTCG AGAAGG	59,9	55	55	
595	BrPe4117	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 7908	4	11318	11333	16	4	12	GTTGACCCGAAGTGGAAAGCATATACTTTAGTCCAGGAACAAGGTG AACCATAACAGATTTCATGGAGCTGACCGTTTTGAAACTTCTCTAAA CCAAAAGATTCTTTGTTGCATTCACAACAAAAGTTTCATGCC AGCTTCCATTGAATGAATGAATGAAAAGCATCACATCTATAAAAAG TAGTCACCTGAAGAAAGCAGACTTAACATTAGAGGAAAAGCATGAA GTCAGCCAAAGTCAAGCCCGTAACCAAAAAGCGTGTCCAGAGAAAAC ATGGTAAGCAATATTACCATTGATGCTTTCATCGTAG	TGAA	G	18,81	181	ATTCATGGAGCTGAC CGTTT	59,6	GGCTGACTTCATGC TTTTCC	59,8	45	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
596	BrPe4118	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 8355	4	273	284	12	3	8	GAATCGAATTTGATATAAAGGAAAAAAGTGTTCCTGCTAGGATTCGTT GATCCCTTTCTTGAAGGTGACAAACCAATCGAACAAGCAACAACAA GCATATTGCTTCTCCCTTCTCCTTGCACCTCTTTCCCATCTCCTCCCT ACCTATATACACTCACTCACTGGTCTGCCATTTCAAACCATTCACA TATCCATTCTCGGCAAAATGGGTTCCGCCACCAGTTCATGGGAAA AGGTTTGTGTGACTAAATATATACATATATATCTCACTGAAAAAG CCTGTTTCTTTATAGTCTTTTATCTTCTC	CACT	S	14,94	121	TGCACCTTTTCCCAT CTCC	60,2	CTTTCCCATGGAA CTGGTG	60,3	50	50	
597	BrPe4119	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 8435	4	6922	6933	12	3	8	ATATTAATATAATACAAATTCATAATCTTGTGATACATATCTTTACC GACGATAATAAATGTATAAATTAAGAAATCCTTCTTTATGATTTAA TATGATTTCCAATTGAAGAAAAATCTTAAATCCAATTTTCT ACATTTTAAATAAATAAATAAATTTATAACAATGCATCTTTATAC TTACTAAATTATGACTTGTCTATGAGTCAAATAACGTGTTAATAATA CATTCAACCTAGCGAAAAAGGGCAAAAAAGAAGGAATCTCTTA ATCAATCAATCAATCAATCAATCAACAA	AATA	S	17,51	232	TTGATACATATCTT TACCGACGA	059	CCCTTTTCGCTAGG TTGTG	59,7	32	50	
598	BrPe4120	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 8506	4	6651	6662	12	3	8	AAGGAACTACCCACGTAAGTGCAGTAAATGAATGCGAGAAGCATG TACGCTGAAACAGTTTAAAGAAACGTGGAAATAAACCTCCCGCT TTTTGCAAGCATATTTCAATCCCTTTTGAAGGGATTCCAATTCAA CATTATCATGAAATCAATCAATCGCACAAACATTAAGCATTACATA ATAAACCAACAACATAATAACAATAAGAGAACAAAAGACGAGGAGA AATGTCTAGATACGTCTTGTCTAGATAAACGACAGGTATGAGGCTTG AGTTCTTCGCTAACCCATCCACGATCACAGACGGC	AATC	S	18,08	221	CCGCTTTTGAAGC ATATT	60,2	TCTGTGATCGTGGA TGGTGT	60	40	50	
599	BrPe4121	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 8882	4	5059	5070	12	3	8	GACATTACTGCTGTTCTTACGTTTTCTGTCCATCAGAAACACTTCTC ACAACCATTACAATCAAACAGCAAGTTGTGTACTGATCATAACCC TAAACAACCTGCTCAATATATCTGCATCTGCGCGCTTTGATCTTTG TTTCAGTTCAACCAACGAGACCAAAAGAACAGTCTGCGGTGG TCATTACTGTAGTCTGTTCTTGGTTTTCTCCATGGCTCTGGTGC TGACATTAGGAACATAAATAAAGAAAAATCCCATCAGCATTTTA CTTGAACAGAACCAGAGATAAATATTAAT	CAAC	G	16,17	151	GCGCTTGATCTTTG TTTCA	60,4	TGCTGATGGGAATT TTTCTTTT	60	38,1	31,8	
600	BrPe4122	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 8975	4	783	794	12	3	8	ATGATATGGAATCAAGTTTTGCCCTACGGCATGAGCTATGGCTTGC ATAAATCGTTTATGGAAGACCTTAAACTTTGGATCTCAGCTTGAAA ACTCTCCACAGCCAGCATTTCTAGGAAAAGGTGTCAGCAGGATGG TACGTTGAAGATGCATGCATGCCATGTCCTGATGATAAGGTCGAG CAATATGGCAAGGTGAGGTTTTCTGGGGCAATCAGCTCAACCTTG TCTTCACTCCACATGGCCAACCAATAGTGTAGAGGGTCAATGTGTT AAGGGGTTAATCTTGGCCTCCTCGACCATGA	ATGC	S	60,16	161	TGGCTTGATAAATC GTTCA	60,2	ACCTTGCCATATTG CTCGAC	60,1	40	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
601	BrPe4123	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 9269	4	479	490	12	3	8	CTTCTCAACAAGTTCAGTCAGTTTATGTAAACCTCGCAAGACATT TGGGTGTGTGCCTCTCTCTCTTCCATTTATCTGTCTCTGTTTGATT AATAATTGTTATACTTGAATTGCGAGGTTACTTATATATTATGATG CATCACTAGCTAGCTAGTATAGGGTTTTATATATTAATGTCGTTTTCC CCATTTCTTTATGATCGTATGCTTTGTTTATGATTAAGTATTAATAG TAAACTATATATCAGACTGCGATTAGCACATTTCCGAGGAACTTGT TCCTAGTTAACAGTGTGGCTTTTGTGTC	CTAG	S	17,11	235	CATTTGGGTTGTGGCC TCTT	60,0	CCTCGGAAATGTGC TAATCG	60,6	45	50	
602	BrPe4124	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 9278	4	2351	2366	16	4	12	TTTCTTTTCCCATGTGCTTCTTTAGAAATTAGCAACATAAATATGATAA CTAAAAGAAGAATGTAAGATTTTCTCGTGATCGATAACGAAAAGAC CCGAATTAAGCAAGCACATCACATTTTCGTTTGGTTGAAGGTCGCTA TCCACACCCTCTTCTTCTTCTCTTAAAGGCGACAATGATATAA GAAAATGCCTTGAAGTTTCCAAGCTAAGAAAAGGTGCAAAATAATG ACAAAAGTCACATGGCAGGATGCCAAAGATTTTCTAGACTCAGAGG TTTGIGAGAGACATCCAGTAGAAGTTTTCATCTTCT	TCCT	G	18,94	160	CCCGAATTAAGCAAG CACAT	60,1	CCTGCCATGTGACT TTTGTGTC	59,1	45	50	
603	BrPe4125	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 9330	4	2342	2353	12	3	8	CAACACTGTAATGCTGGTCTTTAATTTAGAGAAGCTATCAGCCTGCC AAAATCAACTCATGATGTAGGGTGTCTGCTACTCTGAAATGCTTGC TAACCGCTTCTTGATATTTGACCACAAACCAATGGTGTCTGGTTAT AGAAATAATTTCTTCTTCTTCTTCTTTTGGAGGTCATGCTTACTGT AATTTATGTTACCCCAATTTGAATTGCAATAAAAAAAGAGAATA TTATGGAGAAGAATCTGAAGAGATAATGCCAATGTCCTACCTTCTTA ATTAGTATGAATCAATTACTATCTTTTTG	TTTC	S	18,29	186	AAGTATCAGCCTGC CAAAA	60,0	TGCAATCAAAATTG GGGTAA	58,9	45	35	
604	BrPe4126	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 9433	4	494	505	12	3	8	ATTAACGAATCGAATTGAATCTATTAAGACTCAACATGACTATT ACAAACTTCTCGTCTCTGCCTGACTGTGTTATTACAGCAGTAACCAT TGTCTGGATAGATTCGATAAATGTTTCATTAAATAATTCTTACTACA ACTAGGATTATAAATAAATAACAAACTGCCCGCAGCCTTATAACAC GTTACCTCATAAGAAAGAATTAGGTACTACAACAGCATTATATTCT AGAAAGAAAACATAAGGTAATATAAGGGCAAAAGGTCGGATAAT ATAAACCTATTTAAACAACAAAAGTGAACCTAA	ATAA	S	13,55	220	CTCGTCTCGCTGAC TGTTG	59,8	TCGGACCCTTGTCC CTTAT	60,7	60	50	
605	BrPe4127	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 9505	4	747	758	12	3	8	TAAATGTGTGTTTACATTGTAATTGATGACCACTTGTGCAATTGTTG AGTTTTGAAAGGTTTAAATTCGGATTAAATGCATGATAGGGCTCTGC CCTGTTTTCCAGTTTTAGTTTCATATGCCCTACTTTGGCAATCATA TTGGAGATTGGTTGGTTGGATTTGTGTGATTCTTGTGGAGTGTGA AGCCTGTATGTACGGCTATGTGCGGATGGAATTTGGTGAATTTTGG GGTCCGGAGGTCCTCAATTTGTGGCTCGTAAGTTACTGAAAAATAA GGTTTATGATCTG	TTGG	G	767,2	159	ATAGGCTCTGCCT GTTTT	60,1	GGACCTCCAAAATT CACCAA	59,8	50	45	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
606	BrPe4128	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 9917	4	1925	1936	12	3	8	GTATTTCCCCATCTTTTATTATGATAATTTCTTTTATTCTATT TTTCTTTAGCTGTAATGCAGCTTATATCGAGAAAAGAAAATGGACAT GAGCTTGTCTGGTGTGTTACCTGAATGTTATCGATGTGCTTG GCTGGCGCAACCAACCAATACCGACAAGGTAGCATCGCGTAAGGG TAGTTTCGGTAATGGAAGTGAATGTGTTTGTATTATTATGCATTGA TTACCTTTGTACCCTTACAGAGTTCAACCAATACAACGTCAGATC TAAC TTGGAACCTTCACATCAGATGTGTA	CCAA	S	15,93	101	GGACATGAGCTTGTC TGTGG	59,3	TACCCTTACGCGAT GCTACC	60,1	55	55	
607	BrPe4129	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 0130	4	1340	1359	20	5	16	CTCATAGTAAAATCATTATCAATAATGCTTTTTTCATATCTCGTATT TTATCGGATCAAAACCCGAATCGTAGACCACTATATCAACCTCTGA TTGGCTAATGCTACGTGTAGTTTAATAGGAAAAGGGATGACTAAT TTTGTATGATTTATTTATTTATTTATTTTAAATCGGATATGTATAT TAAATATGTAGATATTTATTACAGTATCAATTAACAAGTCTAAACCA AATAAAATATTTAATTAGAGTTAAAATAAGACTGTAATGTCGATATT ATTGTAACATATTTTGACACAAAGTGGATGCCTCT	TATT	S	121,5	233	CCCTCTGATTGGCTA ATGCT	60,6	GAGGCATCCACTTT GTGTCA	59,7	47,6	50	
608	BrPe4130	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 0399	4	4512	4523	12	3	8	TGCTGACTGAAAGGATTTAATTAACGCTCTGGGAACTTGCTTCA TGCAAAATGATATTTCTATTTCTGATTTGIGTTAGCTTTCTTTTGCA TCTTTGATTTGCTTCCACCCTCTGTCTGCAAACTACCATATCTGCAA CTGACGTTTTCTTTTTCACAATATAGTTAAATTAATTAATTTCAATTTA CTGGTGCAGGAGTTGTTGATGATGAAGACGAAAACTGAAAGGTT TGAAGAAGGAGATGGGCGAGGGAGTGTACAATGCTGTAGCAGCAG CTTTAGTGCAATAAATGAATACAATCCCA	TTTC	S	16,85	182	CGTCTGGGAAACTT GCTTT	59,4	CAACCTCTGCACC AGTAAA	58,8	45	50	
609	BrPe4131	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 0497	4	1043	1054	12	3	8	ACATGGAAGAGTCGGAGACAGGAAAGCATATGCCATTTTCTGTGTG GAATTTCTCTGAGATGCGTGTTCCTCTGGACTTTGGGCTTTGTGGA AATGGGGACTGAACCAACATAAATATTTGATTTTGGATCCATATCA TATGTGCACATAAATAAATAATTTACAGCAGACAAATCTGTGAGCAA TGCCAAAATGATCATAACTATATTAATAAAAAAAAAAGAAAAGGA ACTACAATTCCTAGTGGATGCATTTGGGTAATTAATGTTATCATT AATAAGTGAAAAATTTAGTGACCTTATTGATATT	ATAA	S	29,88	186	GAGTCGGAGACAGGA AAGCA	60,5	TTTGGCATTGCTCAC AGATT	59,3	55	40	
610	BrPe4132	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 0975	4	2002	2017	16	4	12	TGATTTATCCTGCACTAATAGTGTCTTTTGATGATTAATAAATTT TGGAGGTCTGGTGTCTATGCAATTTTCTTTCTTCCACTGTGTACA AATGTGGATGGTTGAAAAGCGCATCAAATGCGGCAATGCATTGGTA CGAAGAAGGAAGCAAGCAAGCAAGCTAGAAACATATCACGGAGTA GTTGGTCAGTGTCCGGCTGCAGATGACCCTCGCTTCTCTCTT AAATATAAAAAATAAAAAATAAAAAAGAGAAGCAAGGATGCCAATA AAATCAAATCAGGTACATGCAAAAGTCACAAACAGCCAC	AAGC	S	16,17	150	ACCTGTGTACAAATG TGGATGG	59,6	TAAGAGGAAGCAGC GAGTGG	60,7	45,5	55	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
611	BrPe4133	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_2 1621	4	1968	1983	16	4	12	TAGTTAGGATCATATGGTAGATCGTTCAGGAATTAGTTATAGTAGTG AGATATTCTGAGTTTTTTTTTGTATCAATTTGCCATCAACCAAGTCTTA CACCATGTACCGTTTCCTAAGTGGCTACCTATGTACACGCTAAATGC TCATAAATATGAATGAATGAATGAGTATATATTTTGCTCAGAAAGA AAAGGTTGAAGACAAGTTGCTTCCCGTGGACCATAAAGTAAAGCTGT GAAAATCGTGACCATATTGTGCACTCTTAAACTTCATGACTCCAAA GGCATGCCCTGGGTAAGTATGATAGGATCTGCAGT	ATGA	S	23,62	154	CAATTGGCCATCAAC CAGTCT	60,0	ACTTATGGTCCACG GGAAGC	61,3	42,9	55	
612	BrPe4134	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_2 1639	4	257	268	12	3	8	TTCATATTTTCAACTCTCATGTATTTCTGTGCTGCGGCATGCAGGTTG GCGAATATCAAGGTGCATATAAGGTAAGAGATGAATTTAGGCTTCT GTATGTTCAATTGTAAGTTATGCAGACTTTTTCTTGTCTTGTATTGTTA TCCATCGTTGTATGTATGTAGATAACCAAGGGATTATTGGAGAAGTA TGCCCCGAGAGGGTTCTCGATACTCCGATTACAGAGGTAATTTTGG TTACATGGCTTTACTGACATCAACATAATCACGTAGCTAAATTTTAT AGTTATGTTTTTGGCTGAACACAGATCC	TGTA	G	17,79	158	GGTTGGCGAATATCA AGGTG	60,3	CTCTCGGGGCCATA CTTCTC	61,1	50	60	
613	BrPe4135	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_2 1881	4	8608	8619	12	3	8	AGGGGACAGTGCAGCGCAACCTTCTTCGTCGCCGCTTAGAGGTGGT CCGGTTGATGACGCAGCACTCATCGTGGAGCTCGGCCGATGGAAA TTCGCACTTTTCTGCTAAAATTTGAAGCGGAGGATTTGCGATTGTA AAAGATTGACGTTTTATTTTACACTGGACTCGTCGCGAACGAAGT CGGATCCAAATAACCAGGTTCTTCTGTGGCACGAACAAAAAATA AATAATCGGCGAGAAACATGAAAGCAGTATATTAACAAACGCGAGTT TAGCACAGCCGCTCCCATTTCTGTTTTATTC	TTTA	S	16,92	187	CTTAGAGGTGGTCCG GTTGA	60,1	TCGTGCCACAGAAA GAACCT	60,8	55	50	
614	BrPe4136	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_2 2090	4	657	668	12	3	8	GAAATGCCAATTTGTAACCTTTCCGTTTGGCTTCAACATTCAATTCT CAATTCTGGTACATACCACAAACCTTACAGTCTGAGACCACCTT GAATTCGATTGTACGAGTTGGCTAAAACGACAAGTTGACATGAA AACCAATGGCACCACCCACCTGCAGAGGAAACGGAGTATGACTTT GAGAGAAATAACAATGACAGATGGATGACGAATGCATTTTGATACC ACGAAGATGAAACGTTCCATTGTGGTTGATGCAGTGCATATTATAT GATGAAATACTTGGATTGTTAAACAATTGAGT	CACC	G	16,78	159	CGAGTTGGCTAAAAC GACAA	059	ACTGCATCAACCAC AATGGA	60	45	45	
615	BrPe4137	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_2 2700	4	3802	3813	12	3	8	AGGTGGCTACCGATGCTGTGGGATTATAAAGAACAGTAGCTTCTTTC TGTTCTGAAGAAAAAGTATGCAACTCTACAGAAGTAAATGTGAAG GACCAATTGAAGGCTGAAAAAGGCTAGGAAGTGTGAGTGGCATAGG ATTTGGAGTATCTTCTTCTTCTGTATTGCTTTGAAGCAACCAAGTTT CTATGCAGGAGCCCAGCTAGTTAAGGGTGGGCACGCAAAATCTCA GACGTTTTCCGGGTGAGTATACCTTACCTGTCCATCAAGTCTATACC ATATCTTACAAGCCTACAACATTAATTCT	CTTC	G	14,37	154	TGAAGGCTGGAAAAA GGCTA	60,0	ATACTCACCCGGAA AACGTC	58,9	45	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
616	BrPe4138	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 2717	4	487	498	12	3	8	CTGTCTTCTCCACATATGAATGTTCCCTCACAAATATGTTTCAGGAAGC GAAGGATGACAGCAAAAATGCCCAATTTGGACAGTTATCTCAGGG TTTTCGGCTCCCAATCCTCAGATTGGAAGAATGACCAGCCCTCGA CACGTTGGATAAAGAAAGAAAGTCTGAGGCAGCCACTAGTTATCGA CTATTTGGTATTGAACTCATAAATAATCCACAAACTGCCTCCTGC TGAACGTACACCTGCACTGCCAATCAGTGTATCTAGTGGGATCACTG AAGGCATGACGTGAACGCCATATCAGCTGCT	AAAG	G	12,32	212	GTTCAGGAAGCGAA GGATG	59,8	CAGGTGTACGTTCA GCAGGA	58,9	50	55	
617	BrPe4139	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 2761	4	170	181	12	3	8	GGAATCCGCTCTCCACAGGTGGTACCTCTCTAATCTCTCGAGTAATC GGTGTACCTGACCTGAATGATGAACACTACGTGGAGGTCTCTCGCCTG GGCTCGGAGTCTGGGTCCAGATGGCCTCACAGTAACTGGCTGGCCA ACTGATGGTCTCCATCCATCCAAATCTCCATCCTGGTAAACCTATC AA	TCCA	G	642,06	120	TGATGAACTACGTGG AGGTCT	57,2	AGGGTTTACCAGGA TGGAGA	58,4	47,6	50	
618	BrPe4140	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 3088	4	174	185	12	3	8	GTTTCTAATTTACCGACATCCCTCGGTCCGTAATTTAACCGACCC ACCAGCAAAATTTTCAGCAATAACCCGACCGATTTCGACAGAAAA TCAATCAGTTCGGAAATTTACCGACGGTTCGGTTACTTTGCTCAGC CCTATAGTAGCAACCAACCAAACTCGAAACACAACAAGACTTAC GCCGGATGACCAACAACAAGCTTCCGACGCACCGCAAGCGTCA AACCAATCAAGGAAGACTTCTTAAAGATCAAGCCAAGGATTACAT CCAAAGACAATAACCAAACTAGGGTTTCAAGC	CCAA	G	107,24	151	CACCAGCAAAATTTT CAGCA	59,8	GTCATCCCGGCGTA AGTCT	60,1	40	57,9	
619	BrPe4141	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 3090	4	337	348	12	3	8	GCTACTGATCATAACTTGTTTAGATTAATAAGTAATAGAATTAATT AGAAGTTTTATTACAGCTTATTTATAGAAGAGCTTTGTCTTTTAGCA TGTGTGTGTCTTCGTTTGTCTGGGGAAACAAAGTTGAAAATGG CTGATTATGACTGACGTACCCAGACCATGCAATTTATATAAGAAAA TGTTTCATAATCTCTCTGTTAAAAAACATATTAATCTCACTTCAA GACATAAAAACGATGAATTCGGAAGCATGTTCTCTTTTCAAACGTT CTGCTACATAAGCTGACATGCAGTCTGGA	GTAC	S	16,16	155	GTGGGGGAACAAAGT TGAAA	59,8	AAGGAGAACATGCT TCCGAAT	60,1	45	42,9	
620	BrPe4142	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 3346	4	4251	4262	12	3	8	AAGGCGTGGTGTCCGGTGTCTGATCCATATAACAATTTAATATAAT TTTAAAGAAAACCTAATATGACCGTTACTCGGAAGCCTAACGCTC CTTAGACTTGGAAAAATTTAAATTTGAAATTAGTAAAAGCGATAA AGATGACTGGCTTTCTTTCTTTGCAATTACAGGCTTACAGCACAGGA ATAAATAACCCCTTGAATCGATAAGCTTCTTCAAAGCTTCCGACCA AACTTTGAATCTCGTCTCCCTTCTCATCTTCTCGACAGAGCAATG GCATTGAGATCCATTGATAATGCTCTTCCAG	CTTT	S	17,53	176	GACCGTTACTCGGAA GCCTA	59,3	TTCAAAGTTTGGTC GGAAGC	60,2	55	45	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
621	BrPe4143	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 3664	4	2221	2232	12	3	8	ACTTAAGATGTTGGTGTGGGGTGTAGGTC AAGCCCATGATCATAT CATTACATGCATCGAGTCCATGATCATATCATTGCATCGGTCGAGTCT CATGATCGTATCATTGCATCGGTTGAGTCGTTATTTGATTGAGTCT GTGTGATTACATGCATGCATGGTGTAGAGGTTCCGGTGGATGAGTA ATTTCCTTTATTTTTCTGAGTGTGGAGCATTATTGATGCTAGGAG ATGATGCTTTGGGTATTCTATGTTGGAAGAGTGTTAAGGATGGTGTA CCGGAGGTTGGGTCGAGTCGGACGACGT	CATG	S	21,49	182	TGCATGCGTTGAGTC GTTAT	60,3	CCTCCGGTACACCA TCCTTA	59,8	45	55	
622	BrPe4144	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 3892	4	3506	3517	12	3	8	TCATAATTAATTATACATTATTACATAAAAATCATGCTCACCTTCATG TCATAATGCCAATCGTATGACGTGTGTCATATATAATCACATAAAA TTGAGATTTCTTGATATGGAATAATCAATTTTATGTTGATGATTA ATATTTAAAATTTATTTGACTTACTAAAGTATCTAATTTTGATA TTGTTTATGGAGAGAAATTTTACTTTTCAAATAAGAAAGTTCGAA CTTGAACCGTAAATATATCATATCTTGGACAGAAATTACATGTCTT ATGGTGATTGAAAATTTCTCTCGATAAA	ATTT	S	14,81	193	AATGCCAATCGTATG TACGTG	58,5	CGGTCAAGTTCGA ACACTTC	59,8	42,9	47,6	
623	BrPe4145	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 4056	4	506	517	12	3	8	GAAGCAATAGATTTTTCTCTAGGGCACACTCCACCACCAGCAGCCT TTTTCTCTGTACAAAAAATTCATGTTTTCTCTATTTCTGCCGT GGTCTTTTGGGCAATGTACACTCAGTTTACATCTCAACTCATCTTAT AGCATCTTCAGACAGACAGATCCGCTATAAAAGACACATAATAAGT TACGCCTGAAAAGTTGCAGGATTTAAACAATGAGATTTGAAAAAAT TATGAAACTAGTACTTCCAAAGACAAAATTTCTAAAGATTGAAAAAC TATTTCTAATAATAATCTCTCAACTAATCCA	CAGA	S	18,31	191	ATTTCTGCCGTGCT TTTG	60,1	CAAATCTTTAGAAT TTTGCTTTGGGA	59,2	45	26,9	
624	BrPe4146	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 4093	4	2653	2664	12	3	8	CAATGGTTTTTATTATGCTCATATTTATGCTATTACTTAATGAGAT TGCTATTATCAGTTGAATTTTCGCGGTCAAGTCTATTAGTTCAAGT GACTTATTGTTTGTGTACGCCGAGTGGCGATCTTCTATTAGTTC ATGGAGGCCTTCCTTCTTATTAGTTTCTTGATTTCAGGCCTTCTCA ACAGCAGCAGACAACCAAGCCCAAGTTGGAATCAAGGCTTACAAG GTGAGCGTGAATGGCATCCGACAACAAGTCTCTGGGAGAATTGGA ACTTGTGGGAATTCACCAGTCCAAGGG	CCTT	G	13,5	220	AGTTGAATTTTCGCG GTCA	60,6	TTCTCCAGGAGCT TGTTGT	59,8	40	50	
625	BrPe4147	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 4288	4	2293	2304	12	3	8	CTGCATCTTATACATCGTTTCTGGATGATGAATACTCTGTAGGA AGTTAATCGCTAATGTGAGCTCTTGCTCACTTAACCCCTTTTTCAAAT CTTGGATTTACATACAGAAGTACAACCTTTTAGGCAATTAGCGTTCAGT TTTCAACAAGTTGTTGTTTTATCCTATAACCATATTGGACAGTTGTG TTCTCGTAGTGGTAGATCTGCTTCAGCGGGTGTCCGTAAGACACA TTTACTGCTGTTATCTAACACGGAGATGACTACAAAGAATAAACTTC CTGTTGGATGCCTTAACCACATCATGAT	GTTT	S	18,52	249	TCGCTAATGTGAGCT CTTGC	59,3	GGTTAAGGCATCCA ACAGGA	59,9	50	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
626	BrPe4148	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 4476	4	2980	2991	12	3	8	AAGTTAGCATTGTTTCATTAATAAGAGCATAGGACTATATAGCTAGT TAGATCATGTAAGTGGGAAGCAACCCAGTCGATCCCAGGCTTTT CTTCTTTTACATTCTCTCTGTGTGGGGAAAGTAATAGCCGAA GAAGAGGAATTACATACATACAAGGGGAATTAGCAATTCCTTGTAT AGGGAGGTCTTTGTACATCTTTTGTACATGTGCAACAGCCACCTCT AAGAGGGTTCCTTAATACAAATGTTTGCAGTACATGTTCTGTCTC CAAATGGTTCATTACAGACTTGGTCTCCAAGC	TACA	G	16,2	159	AGTCGATCCCAGGCT TTTCT	60,2	TAGAGGTGGCTGTT GCACAT	59,3	50	50	
627	BrPe4149	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 4817	4	167	178	12	3	8	TTCGTAAGTCTCAGGTGGATAGCATAAGTAGAACGTGTAAGCCTCTGT CAAGATGCTCTATCTCAACTGAGGATCACTGGGTACACAAACCCCTT CTCAGAATACGAGGATACCATCATCTCGTATCCGGTATTCGTCTACG GTGCTATCATTGCTTGTGACCTTCTCCTTTATCTTACTCAACACT GGTCTCTGCTTGTAGCTCAAATCTCATCAAGTAATAATGGCCT TGCCACAATACGAGCTATTAGCATCCCAATCATTGGTATCCAATG ATACTCTTGATGCT	TTGC	G	100,82	150	CGTATTCTGCTACG GTGCT	60,3	TACCAATGATTGTG GGATGC	59,2	55	45	
628	BrPe4150	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 4981	4	2497	2508	12	3	8	ATTTTCGTTTGTATTCCTGTTTATTCATGTTTGGTCTCCTCTCTTCTT TGCAAGCTGGATACTACTGTTCCGCTGTGAGIGTGTGGTAAAGGAC TCTGCGAACTACTTGGATCACAATGAAAGAAACGTATGTGGT TGTTCCAATGTTTGTGTTGATTGAATTTACATCTTCGCTTGGATT GCATCCGTGATCATGCTCCAACTGTTTTCTTTAGATCAAAGGGCT TTGGGGATGTCTATGCGTGACAGCGGGCATCTTTCAGCAGGTATA TTCTTTCTTTTTTAACCATCATCTCT	TGTT	S	16,04	186	TCCGCTGTGAGTGT GTGGT	60,2	ACGCATAGACATCC CCAAAG	60	55	50	
629	BrPe4151	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 5146	4	551	562	12	3	8	TCCTAACATTGATGGTCGAGAATTCAGATTAATTTGCAATTTGTCAA TTTGGTGTATTATCTTTTTTTTTTGAAAAAAATTTGCTGAATTCAC AGTTTAATTTGCAATTATATTCGTCATGTTTAGCCAGATTATAAAG TTTCGATGTAATAATAAACTATAAATATACAAACGCAAGGAAAT GCCATAACAAAACTATATAGAAACAAAAAGCATAAGAGACATATC AGGGTGTGATTATATTGATAAGATATATAAATTACTTGATTTCGGG ATTCTCAATTAATAACTATAGGGATTATA	TAAA	S	17,45	175	TTCGTCATGTTTAGCC AGATTT	58,8	TTGAGAATCCCGAA ATCAAGT	58,8	36,4	38,1	
630	BrPe4152	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 5201	4	275	286	12	3	8	CATGACAACCTCGGGTACTCAACCCGACTCTGGGTTTACAATAT AAAAATCAAACCAAGGACCGAATCAGGTCCAACCTCGGGTATAGGT TTCACAATACTCCTTAACCCCTGAATTTAAATCTAATTCATTGTTCTT AATAAATTCCTTCTTCTTCTTCCACATACTATTCTGAGCCCTCTT AGAACAGAAATCTAAAAGAGTCAAAATCTTCACTGCTGGAAGAAGAA GCTCTGCTATGCTATGTGCAGCCATTGGGTTGCTTCAACAGCATG CCTTCCAAGGCAATTTATCCAAGAGCA	TCTT	G	32,34	186	ATGACAACCTCGGGT GACTC	60,0	GGAGGCTCAGAATA AGTATGTGG	59,2	55	47,8	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
631	BrPe4153	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 5398	4	3315	3326	12	3	8	ATGGACTCATCACATAACAACATTGTGTTTTGGATTGGCCTTT GTCCTTGTGGGAGGGATTCAAAGACGAAGGGTATTGGATTATCTT ATCACTATTCTTTGTTTATTTCCTTTCTATTCACTACTGGCTTCAGAT TCTGGAATTTATTTATTTTCCACGTTCCAGGGAGGCTGAAGAATTG GCTGAAGTTGAAGCAAACACTGGTTTGTATCAGTTGACTTAACCTTT GCTTTGAAGTGGAGTCTGGTTTCACTCTGCCCTTGTTTATTTCTAGG ATGCTGATTTAAAGCAAACGAGGGA	ATT	G	17,15	241	TTGGATTGGCCTTT TGTC	59,9	AAGGGCAGAGTGAA ACCAGA	59,8	40	50	
632	BrPe4154	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 5462	4	268	279	12	3	8	ATGATGCATTTATAATAGGCTTTTGGAAAAGAAAGATAATCTTAC ACAAGCAAAATAATGGTGCAGATGTTTATCACAGGACAGGAATGATC AGCTTGACCTGTTAAAGAGTCGTACCTGTCAGGTGTGGGTCTCTTTC CTAACCGTCTATGTATGTATGCATGGTCTATACTTTGACAATAAAA ACCTAAAGATAACAAACTCGATCCAATAAAAAGAAATTTGCATTTTA TATCCCCATAATTAAGTACTGTCTTGACGATTCTGGTCCATGGTA TCTTTACAACCTTTGAAGCTCTCTAATTATTGA	TATG	G	38,94	158	TCAGGTGTGGGTCTC TTTC	60,1	ACCATGTGACCAGG AATCGT	60,2	55	50	
633	BrPe4155	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 5701	4	2954	2965	12	3	8	TGTCATGGAATTGAAGATTACCGAGTCTGCAGTGTAGGGGCAGCAG TAGTAGTAGTACAAGGAGAAACAAAATGACTGTTTTCTTTCTTTC TGACGCTGTGGTAATTGCAGGAACCTTTATGGAACCCACATACATCC TGCGCGTATGTCTTTCTTCTAACTTTTTGTTTCTAATTGTGACAA TGACATCAATTTCAACTGTATGAGTTGTTGAAGATAAGTTACAAAGC AAATGAATACTTATAGTGTTTTCCCGTATCAATTCTACGAAGGCAT CAATGTTCAACCATTCTTTTAGGATAGCCG	TTCT	S	16,99	201	GCAGCTTGTGGTAAT TGCAG	59,5	TGGTTGAACATTGA TGACCTTC	59,8	50	40,9	
634	BrPe4156	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 5806	4	2318	2329	12	3	8	TGATTGGAATGGTTTCTCAATCTTTTGTATTTCTGTTGGCCTGAT GACTGCTCTTCATTTTCATTTGTTTAGGCTATATGACTGTTTTCAGC GCTCTGATTACTGATTGAGTTGAGTTTCTCGTGGCCTTAGTTTG GTTATCTGTTGTTGTTCTATTGACGATTATCAGACTTGTATCAGAG AAGTTTTCTATTTGCTTACTAATTTCTGGCTATGAATTGTATTCT GTTGGTCTTAATTGAGGGATCTCTATGGTGTGGTGATACATGG TACTGTAGAACATGAGGTTCTTTT	TGTT	S	16,42	162	TCTCGTGGCCTTAGT TTGG	60,2	CCATGTATGCACCA AACACC	59,7	50	50	
635	BrPe4157	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 5899	4	8094	8105	12	3	8	CTTATCCAGGAAGCTCCAATCTGCCCTTCTCTCCAACAATTGATTG CAAACACTAGGCGGTTCACTCTTAATCCTAGAGGAAAAGGAACCCAAA TGTGCAGCAGATTGACACAGGCGCATTGAGAAAAATGCCTGAAAAGA GAAATGTAAACATAAAATAAATAAGTAAAAGAACCCAGCTTCTAATAG TATTGTTTCAAAAATGAACAAGGTAATAGCAACAACCTGACTTCAAAT TTTAACACACAAAAAGATAAGGAGTACTGATAGATGATGCAGTAA ATCAATGAATGTTGATACCACAAAATATCTGATTCT	ATAA	G	17,4	170	GGCGTTCATCCTTA ATCCT	60,3	TCAGTTGTGCTATT ACCTTGTCA	60,1	50	36	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
636	BrPe4158	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 6605	4	3660	3671	12	3	8	CCTCTTACTTTTTGGACATTTGGTTTGTGCAAAAGCTGGCAACCAC CATAAAAACATTCCTCCTTGGGCAGATCCATGTGCACCTCAGAAACT GTCCTTGGAGGCTACGATGTGAAATCCTAGTTTTAATGTACATTAG ATGGACAGCAAAGAAAGAAAGTGTATGATGCAAAATAACACTTTG AGAAAAAGCAGTGCCTTGATCCATAAAGGTTTTGTGTCAGAGTGGGT TTTGTGGATTGAGCTGTTCAATATTTCTTGACAAGGCATGCAACAT AAATAACCTCGTTAGCAGTTACTTGTCTCT	AAAG	S	17,27	187	ACTGTCCTTGGAGGC TACGA	59,9	GTTGCATGCCTTGTG AAGAA	59,8	55	45	
637	BrPe4159	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 6705	4	983	994	12	3	8	CACTTACTCCCAGGCTACCTACTCATAACATGTTGCGATTAATATTT CCTGTTGTTTTAATCAAGATTCTAAGCAACGATGATAAGTTCTGAT TGAGGATCAACCTCTTTTGTGTTATAACTGTCAATCCAGGAGCTC TGTTTGGGGTTTGTGTTTATGACATTGATTGTGTTGCTTGGTC TGTAGAACCATGATACAGAACATGATTAAGGAGGGAAAGATTGTGC CTTCAGAGGTAACAATAAAGCTTCTTCAGAAAGCAATGCAGGAAAG CGCAATGACAAAATTTCTTATCGATGGCT	GTTT	S	17,65	232	CTCCCAGGCTACCT ACTCA	59,3	AGGCACAATCTTTC CCTCCT	60	60	50	
638	BrPe4160	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 6928	4	2334	2345	12	3	8	TCAGAGTTAACAGCACTGTTGTCGTTAAAGCCTCTGGTTAATTTTA ATAGTTCACCTTCAGCTTCCAGAATGAGTTTCTTTTTCTTTTTTCA GAACATGCCTCTTTTATCTGGAAAACACATTATCAGACAAAACCC AAATATTTCAAGCAGTCAGGCATGGAGGTAAGGCATCCATATTG AGCGAATACAGACTCAGAAAACATCAAAAAAAAAAAACAGAAAGA CTGTTTCGCATCTGTTTCATCCTGGAGATTGACTTCTCCTCGATGGAA ACAGAACCAGCAACTTAAAGTTGAATCTG	TCAG	G	17,93	113	GAACATGCCTCTTTTA TTCTGGA	59,6	TTTCTGAGTCTGTAT TCGCTCAA	59,2	39,1	39,1	
639	BrPe4161	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 7565	4	182	193	12	3	8	GTGGCCGTGGACTGACCCAGCGGGCCCTCAAGAATGTTATCAAGT TGGAAGCTATCCCATAATACGCAAACTCTCCGCACTTCCACACCT TAACTCAAAAACCCACATGCACATCACAAACCAAAAGCACCATTA ACCGTTAGCATCAACCAACCAATCAAGAAAAAAGTACAACCCCA CACACGATTTCCACCCTGAAACAAGTATCGATTCGGACAAAAG AACAGGAAAAGCAACAGTCTTTCACCGTTCAACAGACATGAAAGAG GGACTAACTGTGCAACAACCTATTACTTGTCTAA	CAAC	G	12,16	175	GGGCCCTCAAGAAT GTTAT	60,2	AAATCGTTGTGTGG GGTTGT	60,1	50	45	
640	BrPe4162	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 7934	4	1276	1287	12	3	8	AGTCAAGTTTGCATTGTAAGAGAAAAACCAAGTAGGATTGATAG ACAAAGAAAAAGTTTAGAATTTAGAAAAAGAAAATAACATTTGTAT CAGTCTGCAAGACAAGAAACAACTTGATAGTTGTAATGAACCTT AATTTACAAAACAGAAAGAAATACTGGTAGAGAAATGGGTCC AACCTGACCAGGCATGACTTACCATTAATGCCGCTGATGTTGATAC CAGCGTACAAACAGGCTTTGTAGTGGGAGTCCACGATATCTCGACC GAAGGCTTTGTACGCCCTGTACCCGAGTAGTATGG	AGAA	S	14,87	191	TCTGCAAGACAAGAA ACAAACC	59,4	CAAAGCCTTCGGTC GAGATA	60,3	40,9	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
641	BrPe4163	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 8518	4	6475	6486	12	3	8	ACAGAACCCAGGAGGACAGCATTGCACAAGTTGGATCAAGACATGT TTGTCCCTTGTGTAATGGATGCTTCATACAGGGTCCCAGCCACACAC TAGAAAATTCTGTGTCATAGTGCACGAAGCAGACATGGATGCAGAC AACAGCTCTATGCTAGCTAGCTAACTGATCAACTGTTGCATCTCCGG CGATTTCTGCTGTTACATGCTGTGTATGACTAATCTCTGTTATTCTTC TTCAGTTCCTGTGTAAGTAGAGAAGCTTTGGATCGAGGATTTAGAG ACAGCAGTATGAATATATAATCGCAGTGTTT	GCTA	S	15,18	156	GAAGCAGACATGGAT GCAGA	60,0	TCCTCGATCCAAAG CTTCTC	59,5	50	50	
642	BrPe4164	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 8611	4	599	618	20	5	16	AGTGGTGTCTTGTCAATAAACAACAAGGTTATTAGCACAAACACA TTTCTGAGCTCGAAGTTATGAAAGCAACCTCATGTTGGTGGATTTCAG TTGTCTGGGACTGCTGGAAATGCTCTTTAAGATCAACCCCGCATTTA GAATAGGTATTGATTGATTGATTGATTGAGATTCTAATCCTTTTTT CTTTGTGTTTCTTGCCATTGGACGAGTCAATCATCTTACTCCAAGCTT CCACACAACCACTTTCACAATGGTGGATGAGATTCTGTTGACCAA AGGAAAAAGTGGGACTGAGATTCTTGCATGCCATTA	TTGA	G	16,36	194	GATCAACCCCGCATT TAGAA	59,9	TGGCATGCAAGAAA TCTCAG	59,9	45	45	
643	BrPe4165	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_2 9038	4	1841	1852	12	3	8	ATTTCTCAGCATATACCTACAGATTATGCAATGCTTAGCTTGTATT GACAGCCATACCCTTACGGTTTACCAAATGTTATTCAATACCTTGA ATGCAGGATCCTCAAAAAGAACACCATCTGTAGGTAATACAAGCAA GTCTTCATCCTTTCTTTTAAATATCCTGTATCCACGAACAAAAACA TCATACAAGGTAAGGAGATTTGTTTCAGATAGAAAGCATCTGGCT TTTACGACCGACCTTAAAGTAGGAGTTATCAAACCTCAGCCACTCTG CTGTCCAGGACTGCCCTCCTGGCGTCCAG	CTTT	G	15,3	203	TGAATCAGGATCCT CAAAA	59,2	CAGTCTGGACAGC AGAGTG	59,6	40	50	
644	BrPe4166	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 0081	4	412	423	12	3	8	TTCTCCATATTCTTAGAGAGATTATGTTACTTTAGTGAAGAAATCT TGCTTTCTGGTAAAGTTCTGCTTACACGTAAGGTTTGAAGTTAAAA AAAAAGGGTTCTACTGTTTGGGAACCATCTATTGGTTAAATTAGCA CCTCTTTTTCCCTCCCTCCCTGCTTTTTAGCTTTCAATTTGTAGTTA GCTTGTATGCTCTTGTATCTATCAGTTTAGTGATGAAAACGACAG TTTTAAAGCGCATACCAGCACTATTTTTCTTCTAATTAATGTCCTA GCTTTTCTAGTTAGCCTTTTAGATGTC	TCCC	S	15,19	153	TGTTTGGGAACCATC TATTGG	59,7	AATAGTGTGGTAT GCGCTTT	58,9	42,9	42,9	
645	BrPe4167	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 0310	4	2770	2781	12	3	8	ATCAGAACTTCTGACTCTTTATTTCTCCAACCTTTTATTGATAAGG TCTAAAGGTGAGGCCAAAGCAATGTTTTGCGCATGAAGGATTTCT TGGAGCGTTAGGTGCCTTTGCAAGCTATGAAAAGCACAACTTGAT AGCTTCGTATCAATCAATCAGCAACTCCAGTCGCAACTCTTC CAACGCGGCTGAGATGGATTATAACAAGCTAAATGGCGGTCTTCAT TGAATGACGGCGGCCAAGTTAGTCCAGACAAGTTGTGTTAATACTC TTTATCATAGGTAAGACTCATCGTGTCAAA	ATCA	G	16,3	153	GGCATGAAGGATTT TTGGA	60,0	GAAGACCGCCATT AGCTTG	59,8	45	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
646	BrPe4168	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 0398	4	4292	4303	12	3	8	TGCCTCTAGGATGAGGGAAGAGATTGAATTCAAAAAGCAACGAGAG AGAGAAAAGGGAAGCTGCCTCGGTCTGCTATTGAGAAGGTTGTACAG TAAATTCATGAATCTGAGGACGTCCATGTACCTTGACGATTCTTTTT CCATTCTTGGTTGGTTGGTGGACAAAGATGACAGTAGTCTCACGT GTTGGTCTTGGCTGCAGATGGAAAAACTGCAACATCGAGTTGAA CTTGGATGTTCTAAAAGAAGCTTGGGAAAGCTTTCGGGATGCTCTTAA CCTATAATGTATGGAGGAAGGATGTGAAGAGGG	TTGG	S	15,78	158	CCTTGACGATTCCTTT TCCA	60,0	GTTAAGGAGCATCC GCAAAG	59,8	45	50	
647	BrPe4169	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 0589	4	1964	1975	12	3	8	ACATGTGATTTCAAGGCATAGGAAACAAAGAAGCCTCACTCACGTT AAAAGAATTACTCGATGCTTGAACCTTTGAACAGCCTTTAAAGCGA GCAAGCCGCCATCATCGTGACCAACAAGCACCCTGAAGAGAACC CATCTCAGCAGAGAAAGAAAGAAGCAGGTCAACCTGAAATTACCAA ATAAAATTC AAGGATAAAGAGCTATAAAAGCAAATGTCGTTCCCC AAGAGAAAGGATAGAGTGAAAAATGCAAAACAGTTCAAGGAGAT ACTACATACGGAGCTAAGATGATACGCAAAGTCAGA	AGAA	G	16,92	166	ACAGCCTTTAAAGCG AGCAA	60,2	ATCCTTTCTCTTGGG GGAAC	59,4	45	50	
648	BrPe4170	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 0752	4	316	327	12	3	8	TGGAGGAGCAACCTGGTTCAGCTGTTATGACTTGCCAAACGCTGCA GGTTGAGGTCGCTTAAGGATGTCAAACAATCAGGGGAGGATAAG ATCAAGAAAATCTCTTTGGTCAAGAAAAGTCTGATGTGATTCCAGT TCGGGAAAAGAAGGGAGGGGGAACATGGGCGGACTTGTTC CAACAGGAGGAAGAACCAATGAGTGAAGTGTGTTGATTCTCCG ATCATTAAGATGGGCATCGTATAGGAAGGTACTTTCGAGTGACT CTGCTTCTTGCTGAACAATGGAAGAATACTCTGA	AGGG	G	14,16	201	AGCAACCTGGTTCAG CTGTT	59,9	TCATTGGGTTCTTCC TCCTG	60	50	50	
649	BrPe4171	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 1560	4	2508	2519	12	3	8	AGGCTTGTAAGTAAAGTTGCAAGTTGGTTGGATGTGGCTCGGCTAT ACCAAAATCTTCAGATTTCAAATGATGACCTTGCAAAAATGTTGATA CTAACGATGAGTGGATATCTGTTTCGACTGGCATCCGCAATCGTCGA ATTCTTACAGGTTGGTTGGTCTTGCAGAGCACCTTACTGTTGTATAT CATATCGCACCGAACTTCTGGATGTCTCAGCTTGTGTTGAGCTCAAC TGTGCAACCATTCGATTGAAAAGTACTTCTTCTTAGTGAAGAGCA TTCATCTTGATTTCTTTGTTTGTAGTGGGA	GGTT	G	017	238	AAAGGTTGCAAGTTG GTTGG	60,0	GCAATGGTTGCACA GTTGAG	60,3	45	50	
650	BrPe4172	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 1680	4	916	927	12	3	8	TTAATCAACAGAAAACCACATAGAAAATGAACTTGGCAAAAAAGTT AAGATTCACCACATACAGGGAATGAAAAATATAGCACAACTTTCCA CTCCTCCATGATAGTGTGTTACTGAAAATACATTAGITCCTTGTA ATGTGGTGAAGAAAATAAATAAATTACGCAATAAAAAATCACATGGGA TGGCAAGGACAGAAAACACTTACAGAGAAAAGAACAGACAGCGG ATGAATGTACAAAATCAATATGTGAAGAAGCATGGTCAGGATGATT GAACCAACAAGCCATAAGTTACTCCAGGGATTGATA	AAAT	G	16,33	198	ACTTTCCTCTCTCC ATGA	59,5	TGGTTCAATCATCCT GACCA	59,9	50	45	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
651	BrPe4173	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 1909	4	328	339	12	3	8	TTCTAGGGATGACGTGTGTAAAGTGATTCTAGTATGGGCAGTTTCA AAGCTCCGGGATTAGATGGTCTACAGCCAGTCTTTTCCAAGTCAA TGAAGTATAGTGGCGAATCAGTAACTAAAGTGGTGAGTGACTTTA TGAACACCGGCTTCCTTCCTTCGGGATTGAATGACACTCTGATTACT TTGATTCCAAAAGTGAAGGCTCCGGAGAATTTTTCACAGTTCAGGCC GATTAGCTTGTGCAATGTAGTCTATAAGGCAATTAATAACTGATTG CGAATAGACTGAGGCCGGCAATGAACCACCTG	CTTC	S	14,12	188	AAGCTCCGGGATTAG ATGGT	59,9	CGGCCTGAACCTGTG AAAAAT	60,1	50	45	
652	BrPe4174	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 2227	4	329	340	12	3	8	TCTAAACTACGTTTCAATTTCAAAATGCATGAGATAAAAATTGAAACA TATCATAAGTTTAAATACTCCTTGCCGTCGTCTCTCACGATGATAA AATATTAATATTTGACATATTTAAACAAAGGAGTTACGATTGAA TTTATAGTAAAATAAAATAAATGTATATTCAATTAGTTGTTTCCTTT CAATCAATATTTAATGGATATTCAGATTAAAAAATAATTTAATGGA TATCGCAAAGAACAAGGAGTTCTAATATTACATACACGAAGCCA GTCGAAAGCGAGCCATAGCCGTACAATAT	AAAT	S	16,26	227	TAACCTCTGCGCTC GTCTC	60,4	TTCGACTGGCTTCGT GTATG	59,9	55	50	
653	BrPe4175	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 2317	4	865	876	12	3	8	AGTAAATTAAGTTGCTCTTATTGTACTTGTGCGACGTACTTGTTC CCTACCTACAACACTTTTGACCTTAATAATAATGATCACTACCAAT TTCTCTGTCTAATCCCAATTAATACCACAGTAATGAATTAACAA CCAAATAACCATACATACATAACAAGCAATGCTACAACGATTTCATC CTCACAAAACATCACGAGTATTCGGAGTGAAAGAACCTGGGAAATG GCCACACTTGGAGCATCATAACAGAGCTAAAACCATGTGAGAATGG GGAGAGCACCAGCTGGCTCTGTCGAAAATCTAC	CATA	S	18,69	186	CTCTGTCTGCTAATCCC CATT	59,3	TCCCCATTCTCAT GGTTT	60,2	50	45	
654	BrPe4176	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 3065	4	760	771	12	3	8	GTCTACATAAAGAGTGATATTTCTCCATAAATACCATAATTCGTA GCCATTGACTTGTCTTTTGTCTCTTTCTAATCATTTCATCTGGGGA AATGTTGGACTCCAATGTCCTTAATAGACAAAAGTTGGTCTTGAAA GAACTTGATGAGTGAGTGAGCATTAAAGACTGCATGTGTCTTTTGT GTGTATTATATGTGGTTTGTACTACTTCCAAAATAAGTAAGC TGATATCAAACCTGCCCGCATTATAAGAAGATGTTGGCGAGATGGC GGCTCAATGCGATTTTATTGTTTGTG	TGAG	S	15,93	234	GCCATTGACTTGTCTT TTGC	60,8	CCATCTCGCCAACA TCTTCT	60,2	45	50	
655	BrPe4177	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 3123	4	1662	1673	12	3	8	TCAAAATGCAACAACCTGCTATGACTGTCACAGAAGAAGGCACATC TAGGTCAGCTCATTAAATCACATTCACACCCCGAATTTGTGTAGT TATCTCGTCTATTAGTTGCAAACTGAGGCTCAATAAATAATCT CACTCCATCTTAAATAAATAAAGCAAAAGTACATCTTTGGACTCGT AAGGGTCCACAGTTACCGAATCAAAGTTACCGCATTAGTCTAGACA CATATTTGCAACAATGTGGTGGAGGCGAGCTTTGAAAAAAAATAT CGTTCAAAATTAATTTACAAAATATAGAA	TAAA	S	14,45	187	CACTAACACCCCGAA TTGTG	58,9	TCCACCACATTTGT GCAAAAT	59,8	50	40	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
656	BrPe4178	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 3201	4	1813	1824	12	3	8	CAATACAATTCAGAAGAAATTCATGGTTGCTAGTATTGTGTTGAAAA TAGATGAAGCTTTTACTGTCATTAACCTCAGACCCGAGGTGCTATG GAAACTATCCAATACTTTCTGATCCAGGCTAGAGAAGGACCATCA GCCTTTGCAAAAATAAATAAATCATCTGCGAAGCTGAGGTGAATAA GTTTTTACTGGAACAACCAGAGTGATATTTAAATAACTAGGAACC TTAGCCAGACATCTTAAAAGGTACTCAACATCAAGGAAAAATAGAA GAGGAGAGACATGATCACCTGTCTCAATCCTC	AAAT	S	17,25	224	CTAGACCCGAGGTGC TATGG	59,7	GGGTGATCATGTCT CTCCTCTT	59,6	60	50	
657	BrPe4179	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 3537	4	153	164	12	3	8	CCATCAGCTATGCTACCTTCGAAAGCATCCAGTAAATCTGGTATGC CGGAAATATTGCTTTTAGGACAGTGACACTTGTACAGTATCTCCAAC CCATATCTTTGTTTCTTTTCCAACATGCAGCAGTTCAACACCAACT ACATTCATCAAAACAACAAAAGAAATGGAAAATTCGTGGACTCAAAT AGAAACCAATATGTTTCAATTTCCGCAATCAACATAGGCTTATTGTG CACAAGAGGCAACACCCCTAGGCAAACTCACCCACATACGGATAA AAAAGGAATGCTAACACAAGGTGATTAGTGA	CAAA	S	21,33	157	TCTTTTCCAACATGCA GCAG	60,0	TGAGTTTGCCTAGG GGTGT	59,6	45	50	
658	BrPe4180	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 3794	4	1148	1159	12	3	8	CTGAGAGAGGTTTACGGTCTTGTCTGTGGCATAACCAGTAAATCCA ATCTTCTTCCATTCTTTTGGTATATTGAATATTATTGICATGTG AACCCTAAGTCTTGTGTGCTTGTGGGTATCTCCTTTATGCAGG AAGTTCGGGAAGGAAGAAAGAGTGTGGAGCTCCATGGCAGTT TATTGGCTGATGCCTCTTTTGTATCCTTAGCATGACAGCGCCG AGACAATAAGGAGGGCCTTGAATCTTGGAGTTAATGTTAAGATGAT TACAGGTTGGCTATGTCTTCCAGTTGGAAG	GGAA	G	16,37	198	TTTACGGTCTCTTGTCT GTGG	58,9	AAGAGGCATCAGGC CAATAA	59,7	50	45	
659	BrPe4181	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 4177	4	9992	10003	12	3	8	CAAACCTAGCTGGGCTGGCAATTCAGCGTCTGTCTGTGAGCTCT TGTAAGTGGGCTCGAAACTGGGAGGCGCTTGTCTTGAACCTCATGGG ATTAGATATGTACACAACCTTCGTAGGATGTTCTTGGTTTTCGCCCT TTTTGTACTCTTCTTCTTGTGCAAACTGTACCTACTAGATCATCCAT GTACCTGAAAGAAAGACAGGAAAGATCGGAATCACAACGAATGC TGGCTAGCGCTCTCAAGTTCACATAAAAAATGATGACTGTGGAAAG TTTGAGGACAGGATGGATCTAAAGGCTGCAA	TCTT	G	17,87	150	GCTCTGTACTAGGG CTCGAAA	60,0	ACATGGATGATCTA GTAGGTAGCA	57	50	41,7	
660	BrPe4182	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 4365	4	1866	1877	12	3	8	TTTTATTAACCTAAATGACAGCAAAACCTCATAACACCTGATCACT TCTCAGGCCCAATTGCTTTGCTCAAACCAAAATCATAACAGCCTT CAAGCAAAAATTCAAAACAAGAAGCACAGCTCTCAAATGATAAA GTATTGATGATGGAAGGAAGGAAAAATCAGAAATGGGAGAAGCTA CATAATTATCAGGTCCTATGGTAGCAATGACCATAAGGTTCTCTGT GTTTGTCAATGTTGCTCTTGATACTGTCACATTTGGGGTAATTTGA ACAAGCCAAGGCAATGAATGCTAGCTTGTATGGC	GGAA	G	17,7	172	CCAAACAATCATACA GCCTTCA	60,0	GGCAACATGACAAA CACAGG	60	40,9	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
661	BrPe4183	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 4960	4	913	924	12	3	8	AAGAAACCAGAAACAGACAACCAAAATTTTGATTAGCCGAAGAACT ACTGAGTGTGATAATTTGGTAAATCAGACAATAACCAATGGCCCTA GCAAGATTCAGACTGCCGTTAACACGCCCTGCATGTATAAAACCAC CAGCTTCAATATTTCTTTCTCGACCTCAAGATCAGGTTTATGAT CTCTGGAAAGATTGTATGCCTGCATCGAAAGAAGCATTGCTAAAAG AAGGAAATAAATATTAGCATAATACACACAGAAAACCTGATATCGTC TGTTACAACCATATATATGTGAATCTGCATTCAT	TTCT	G	16,7	151	AATACCAATGGCCCT AGCAA	59,4	AGCAATGCTTCTTC GATGC	60,5	45	45	
662	BrPe4184	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 5676	4	1189	1200	12	3	8	GTGCGCAGCAGCACTAATGGATGTACCCTGACATTTCTGCATGTAAT GACTCCAATGAACAGATTTAATCCAGAACTCGCCCTTAAGAACTC AGAGGAAAGAGGATGCTGTTTGTAGGAGATTCGCTTCAAAGGGGTC AATGGCAATCCTTTGTTTGTGGTGGAAATGGATCATTCTGAAGAC AAGAAGTCCATGAAAAGGGGCGTTCTCATTGAGTCTTCAGAGCTA AGGTATAACCAGCTACTCAACTTGACAGGAGAAAAAGTTTCCAACC AAACTCAACCAATCTTGAACCTAACCAATCTCT	TTTG	G	15,72	212	CCAGAACTCGCCCTT AAGAA	59,4	TTGGTTGAGTTTGGT TGGAA	59	50	40	
663	BrPe4185	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 5968	4	367	378	12	3	8	CAAGATGACCAAAGTATATGGCTTCTTTGAATGTGTGAGATAATTTCT TTGCTTTTCCCTTGATGAATGGATGACCCACCACAATGTCACCTTCA TCAACTCCCTCACTAAATGTTAAAACCAAGAGGGGAAACCACAA GCCAGATGAGCAATCAATCAATAGGAAAGGGGATAGTATAGGGAG GTGAGAAATGAGTGTTAAGCTTAGCAAATGTGCAAAAATGAATAA AGATTTCTGGTTGACTATTCAATCCACCCGTAATGTTTGA AAAACA TTGATGAACCGAATGGATAATGAAATGCATAACC	CAAT	S	19,35	208	AATGGATGACCGACC ACAAT	60,1	CAAACAATTACGGG TGGAATG	60,1	45	42,9	
664	BrPe4186	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 6594	4	702	713	12	3	8	CAGAACATAATTGTGCGCTTAAGGGATCATAGAATGCAATTTCTG AGAGATTCGGGAGCTATCAGTTGGTTGAATGGAACATTCAGCCTCA GAGAAAGTCGTATGTGTTCTAGCCCTCCTTTTGTCTCCCAACAC CTTCCCTCACCAATTTATTTTCTTTTGATAATCATATGATGGGT TCCCTAGCTTCGTTGTCTTCAATTCCTTCATAGGGAACTCAACAT CTTTCTGAGTGCCAGGGAATGTTAAAGTGTGTCGCCAGAGATA ATGCATATTTTCATCCTTCGCGCAACTTATG	ATTT	S	14,72	159	TTTGTCCTCCCAACAC CTTC	59,9	TGTATCTCTGGCGA CAGCAC	60	50	55	
665	BrPe4187	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 6628	4	201	212	12	3	8	CAGGCAGAGGGAGGTAGAGGTGTTTGACACGGAGGAGGAACTTGC GGTGTCTCTCGCCAAATACACTGCCGATTTGTCTGATAAGTTTGCCA CAGAAAGAGGCTATTTTCTGTGGTTTGTCTGGTGGTCTCTCGTG AAGTCGCTCAGGTGAGTGAGTGAAACAAAACCTCTGATGAGTTG ATTACATTAAGTATCATTCTCAGTTAAATTTGGTCTGTTTGTGATA TCGGAATTCGTTTGTGTTTTCATTAGGAACTGGTAGAACCGC CTTATGTTGATCAGATAGAATGGTCCAAGTGG	GTGA	S	14,27	226	GCCAAATACACTGCC GATTT	60,0	GGCGTTCTACCAG TTTCCT	60,5	45	55	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
666	BrPe4188	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 6791	4	2237	2248	12	3	8	GCAACATCAGTATCTCATATTCGCCGATTTCCTGGCTGATGTAGCC AAGAAGCTGAGATTGGATTCTGCAAACCCCGTTGCTGATCGCGAGA GCATTGTAGCCAAGCAATTCGAGATGGTGTATAGATGCAACGTT GGATCATGCAAATGGATGGATGGATCAAAGGAGACGGGGGACATT TACTCCAAAAAAGAACCTCAGGTTGCGTTCAACTCTAGGATTGCATT TTGTCTTAACATGCA	ATGG	G	12,57	155	GGCTGATGTAGCCAA GAAGC	60,0	AGTAAATGCCCCC GTCTCC	60,2	55	55	
667	BrPe4189	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 6845	4	1197	1208	12	3	8	TACCATGTGATAAATCAGGTCTAGTACATAGCATGAGGTACATAAC AGATCCAATTATTTCACAGTAGGGTACATGGGACATATCTACAATT CACTCTCAGAATTAGGAAAACAGTCGGCAGTGAATTTTCATATGAGC AGGTATAGGAAGGTTGGTTGGTTTTGATTATCCATAAAAAATTGTT CAAGCACCTTCTTGCATATTCAGATTGAGATAAAGAAAGAATACC TTCAGATCTGTCTCTAAAAACCTTATACCAAGGATCTTCTAACAG GCCCTAAGTCTTTCATGAAAAAG	GGTT	S	49,77	150	TCACAGTAGGGTACA TGGGACA	60,3	TGAATATGCAAGGA AGGTGCT	59,7	50	42,9	
668	BrPe4190	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 7507	4	5635	5646	12	3	8	CAAGACACTAAGAACAACAGGTTAATGACGAACTTAAACC ACAACAACCACAACCTGGCAGCCAATTACTCTCCAAAAGTCTCAT TGTGGTTGCCATCAAGACATCTTACAATCACTAAGGAATGCTC GAAACTCTGAATGATTGATGATTCAGAACTATGACTCTCTGTA GCACCATCTTCTTAAAGCAGCCGATTTATCTAAAATACCACCAA TGAAACCAAATTAACCTTTTCCAATCTACAGCGCAGCATCAATTCTT TATGACCTTAGCAACGAGTCTTACCTAATAAC	TGAT	G	19,34	151	AAACCACAAACAACC ACAACCTG	59,8	TGGTGCTACAGAGA GTCATAGTTC	57,7	40,9	45,8	
669	BrPe4191	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 7949	4	1801	1812	12	3	8	GATAGGAGGACCAGTTGCCATGCTTTGCTTCGTAATATCTCTACA TTTCTGTCTTCTATCAGATTGCTACAGATCTCTGACCCTGTCACCG GGAAGCGAAACTACATTACATGCATGCTGTTAGAGCCTATATTGGTT ACCAACCACTATCTATCTATTTTCTTCGTTAACTTTGGGCTCGATTG GTGATTTTGAAAGTTATGTTTCGTGGATTTGTGTTCCGGTAATGC TTGTAGAACATTTTGGGTCATTGGACATTTTATCTTTCGATTTTCA GATCGGTTTTCGTGATTAGGCTCTG	CTAT	S	19,49	250	GCCATGCTTTGCTTCG TAAT	60,2	GGTCCAATGACCCA AAAATG	60	45	45	
670	BrPe4192	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 8015	4	1756	1767	12	3	8	CATCATCAGTGAAGAAACATTCTCAGGGAAAAGTAGAGAAGCCAT TCTTCAGTATCTCAAACCTCTCTACAAAATATCTCCCAAAAAGTTC AGTGTGAAGAAGACCCTCTCTACTCTTTATTTATAGCACCTGT GCTTAATACTACTCACTCACTCTACTTAAACTTGAAGCATCGGTAGC AACGCCAATGGATTTCACTTTTAATCTAGACATGGTTTTCCTCTTAC ATTACATTACTGGTGGAGAAAGGAGAAAAAGGACATTAATCAGTAT CTGTCCACCATTACATGCTACTCACCTGTCTC	ACTC	S	15,31	182	CAGGGAAAAGTAGAG AAGCCATT	60,1	AGTGAATCCATTG GCGTTG	60,9	43,5	45	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
671	BrPe4193	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 8605	4	308	319	12	3	8	ACACACACTAGCCGCCACCATCATCTTCTCCCTTTCCTCTTACAG CCAAAATCAACAAGGAGAAAAAGTCTCTTGTGTCATGCATCCCGAG GCAAGAAGAACAAGAGAAAAAGATTTTCTCTTGTTCGTGGCTGTCC CTGTGATACCTGTTCTGTTCTACATCATGTGGATAATAAGAGAG GCCACTGGTGATTGATCGGGTTGGATCAACATCAAGAATAGAGGA GTGAAATCAGTTCTGCGCTCAAGAGGTAAGAACAAAACCATCTGC TTTCAGTTTTTGGTTGTGGTCACATGCCTAGTTT	GTC	G	540,72	187	GCCACCATCATCTTCT CTCC	59,6	CAATCACCAGTGGC CTCTCT	60,3	55	55	
672	BrPe4194	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 8702	4	854	865	12	3	8	CTTTTATCTTGAGCGCAGTTTCACGACGTACACCAACTTCGCTTAGT AAAAATCGAGAGGAGCGAAAAAAGCAAGTATCTTCTCTTTACAG AAATGGAGGGACGCCAACTTCTGCTGCATGTTGTGATTTTATAGTC ACAGAGGTGTTCCATCCATCCAACACATCCTCTATGTCATAAGCCAC GGCCTTGAGTTTATCCAACCCCGTTGACAGTATCCTCTGCAAGTT GTCTTTTTCTGCTTGGACAAGCCCGTCTTGGATGGCCTCAAAGTTG CTGGCAAGCTTTTCGACTTCTCTTAAACAC	TCCA	G	32,54	151	CGAACTTCTGCTGCA TGTTG	60,6	GGCTTGTCGAAGCA GAAAAA	60,4	50	45	
673	BrPe4195	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 8730	4	193	204	12	3	8	TGTGACAAAACATATACAATTAGAAGTGTGCTCAAGGCATT GGTTGAGACTTTTGGTTCTATATAGGCTTTGGAATACATGCTGGTA ACTGTCGCTCTATACATCTGTACAATGTTTGTCTTTTACTGGAA AATGACAGAGTTTCTTTTCCATACAAAGTAAACAAAGGTGACA AACAAATTTCTGTTCTGCTGGCTAGTGTCTTTCCACAGCTTTC CTTGTAACCAACTCACTTCGCGCTCCAAGTGCCAGGACTCCTCGT GATACCTACTTTAGGCATTAGCATCTGCCAG	TTTC	G	13,47	209	GTTGGTCTCAAGGCA TTGGT	60,0	CAAGGAAAGCTGTG GGAAAG	59,8	50	50	
674	BrPe4196	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 9079	4	1074	1085	12	3	8	GACACAATAATAACATATAGAGAGACTAGAAAGTGTGGCTTTTG GCAGCCGGGATATATGTTTGTGGAACCTACGTGTGCGCGTTTGT GCGTATTGCGGACATGAAGGTAACAATAAAGGGATGCAGCCATTAC TGGATGCCCTACTAGCTAGCTAGAACCAGCAGGTCATGGCCAAAT CGTCAAAGCAACTTTCCTGCTTTTAATGCTTCTTTCTATGAGCACGT GCTGGATCTTTCTGACAGGTGCAATCTACCTAGTTGTTAG	CTAG	S	16,88	158	CAGCCGGGATATAT GTTTG	60,2	GCAGGAAAGTTGCT TTGACG	60,9	50	50	
675	BrPe4197	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 9462	4	1660	1671	12	3	8	GGAAAGAGTAAGTCATTGTCGACAAGTTCATAAATACTCAAGTAGC AATGAATTATACAAATAACAACAACAGTTCCTCATCAATGACATC TGCTGTGTATCCCTAACTAGGAGCAGAACCAATACTACATACAA GGATAAATAAAGCAACAAACAAAGAAAACATATTTTACCTTTAG TTTCTCTGTTCTTTTAGTCTTTTCTCTCTTTTGCATATAACCGATT AGTAGTCGAATCCGTGGATCGTCCGTAGTGTCTTCAAAGGCTCCAA CTTCTCTCTAAATTACGACCAAAATGTTAAA	CAAA	S	18,23	174	CAATGACATCTGCC TGCTG	60,4	ACGATCCACGGATT CGACTA	60,5	50	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
676	BrPe4198	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 9544	4	306	317	12	3	8	ATTTTGTGTGATGAATTAATCATACCAGAAGTAGGGAGATCATTTGTG TGGTAGGTGTCATAAATCTTAATGCATAAGTCCAATTTACAAAAGA AATCCTATGTTGTAGCTCTTCTTACATTTGCTCCTGATCTTTTACAT ACTATGCATGGAAGGAAGGAACAAAATTGTCAGTTTATATAAGCAG TGGCGGTCTTGCCAATTCTCATATCAGTTGTAGCGACTGTGATTTCC CCATTAATAAATCCACAATGTATATTCTGGTTATCACTACTGATCA ATCTGTGGCATGGACATATAGAATTGTTTC	GGAA	S	16,79	202	GGGAGATCATTGTGT GGTAGG	59,3	GGGAAATCAGAGTC GCTACAA	60,1	52,4	47,6	
677	BrPe4199	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 9643	4	1988	1999	12	3	8	TTACACCTTGTGTTTCAGTTTACAGATACATTACCTGCAGTGTGAGCA TTGTCCTTTTATGTTTTCTGATTTGACTTCCATTGCTCCAAATTTTTC CACAAATGTTTTCTTTCATCAATTATGCAGGCTCGTTTCAGTGTGCCT GGATGTAATCAATCAATCTGGAGTCCGATGTTGGTAATTTCTTTT TTGTTTGTGCATGAAATAATGGCTTTCATGTATCTGCCATGCACACA ACTTTACACATGTACAACATCCGTCAGAAATGTTGGAGGCTGCATTA AAAATGTCATGCTTCTATCTTTGCT	AATC	G	15,88	249	TGCAGTGTGAGCATTGT CCTTT	59,4	AATGCAGCTCCAA CATTTC	60,1	45	45	
678	BrPe4200	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 9644	4	3186	3201	16	4	12	TAAACTTTTCGTGTAATGTTTCGGATTGTTATATTATGTATTAGGCTCA CCATTCTTACTCGGTAGTCCATGATGCTACCTGTGACTTGCCAAT GCTACCGATGACAAAGCTTGTATAGCTTTGTTTTGGGGTTAATGTT TTATATCTAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAGTTACATAACCAAA GCTAAACTCCGACAGAAATGCAGCAGTAGAAAAAATTGAAAAG GAGAAACTGTTTGAGTGATCTTAATAGTTAACTAACTGGTTAGATT TAGTAAACAATTCAAGCTTTGAGATGCAGACCCACCG	AGAA	S	18,6	168	GGCTCACCATTCTT ACTCG	59,7	GCTGCATTCTGTGCG GAGTTT	60,4	55	50	
679	BrPe4201	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_3 9779	4	522	533	12	3	8	TAATGCTTCATGATAAAAAGCGTACCTGAAAGTGAACCATATCTGT GACGGAGAGACCTTGATAGAGAACTTGGAAATGATAGATATCAGA CTCTCGTCTGCTGTGGAAAGATTGAAATTTGCGAGCTCGTAGCTTGC AGTTTGAATCCTTCTTCTACGGGAACATCCCAGTATGGTCCAC CAACCTGACAGATACAGGAAAAGGAGGGAACCAACGATATTCTTC AGCAAGCGAAAACAAAAGGAAATTAACATCATTTCCTGTATTGC ATGCAGTACCAGTATCACAGCATCTTTGCAGC	TCCT	G	16,76	160	TCTCGTCTGTGTTGG AAGA	59,7	TCCTTTTGTTCG CTTGC	60,4	50	40	
680	BrPe4202	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 0136	4	2341	2352	12	3	8	TCAAACAAATGATAAGATGTGCTTTATCTTTTGTGATTATGATTA TTAGGACAACCATGCAATAACCTTCCACAGTTGCATGATTAGTATA ACCTTGAATTTGAAGTATGGAGTGCCTATTGTTTCTACCAGGAATC TCTTCACTTCTGCTTCTGATAGTAAAGTTTATAACTTAGCGTCT TTGAAATGCTTCTTCTCACAATTTATTTATCCCTGGATGCTTATC ATTTCACTGTCTGGCAATAAACTTTTGACACAAGACATACTGTTTC TAGTTTACTCAGTCAGCAGATTATTATG	CTTG	S	17,29	189	AACCTCCACAGTTG CATGA	59,1	TGCCCAGACAGTG AAATGA	60,2	45	45	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
681	BrPe4203	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 0399	4	1451	1462	12	3	8	AGGCCCTGCATAGCTTATCGTTAAAGTTCTAATATTCATTTTGTCAGTCA AGTCATCTTCCTAGTTAATATACTTCGAAATTAGTCTTGGACCAGAA AACCTATAAAATTAGGATTTTCAAAAACTCGAGACTGATTCCCTTTGC GAGCCTTCCTCTTCTTCTCTCTCTATCTCTTCCCTTTTGAACCT AAACCCCAAAATTGACAATTCTACCAAAATTGACAATTCTCCCTCC ACACTCAACTATATACGACAGTCTTGTCACTTTGGTTGTTGTTGAC ATAGCAGGACTAGTTTCATCGACTGTCT	TCTT	S	20,83	243	GCCTGCATAGCTTA TCGTT	59,3	TTGAGTGTGGAGGG AGAATTG	60,1	50	47,6	
682	BrPe4204	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 0680	4	1213	1224	12	3	8	GGACTACATGCTATAATTTACTTTTACAATGTTCACTTGGGGACTTTT TGTCGGTTTACCTGTGGTATCATGATGTTTACTAAACATTTTTTGT TCTTGCAGTGTCTGCTTAAATGATTTTACCAGCTTAAATTCGCC ATCAGAACTGACTGACTGGAAATCAAGTGGTGGAGACCCTTGTGGT GAATCTTGGGAAGGGATCACATGCTCAGGCTCTGCCGTGACTGAAA TGTAGTTTGATCAGCTTACTTTAATTTCTGGAGTAGAATTCTGAA ACATAGCTACCCAAAATTTCTGACCTTTA	ACTG	G	16,24	168	GGGACTTTTGTCCGT TTCA	59,9	ATCCCTTCCCAAGA TTCACC	60,1	45	50	
683	BrPe4205	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 1000	4	1305	1316	12	3	8	CATTCTTCTCCTATCGATCAAAGCACTTCAAGTAGAATGCAAAGTGC ATCAGACCTCGTATCATTGGATGACTGGCCTCCAAGGATCAAAG CAGGAAGTAGAACCAAGATGTATTAAGTGCAGAACAGTGCACGG GACCTTGGCTCTATGGATGGATGGCCACCTGAAATGGCAAAGAGG GAGAAGACAACGCACAACAACGTCATTATGGGATTCGATCACTAG CGAATATGATAATTGGGAGGCCGATTAGCATGGCTGAAAAGCCTA CCTATTCAATCATCACCTGATGACCAAGATTCTCTCA	ATGG	G	12,66	161	TGCAAAGTGCATCAG ACCTC	60,0	TGCCTTGTCTTCTCC CTCTT	60	50	50	
684	BrPe4206	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 1301	4	4087	4098	12	3	8	AGCAAAGCCAACAATCAAGAGGAGATAAGCACTACAATATATCCAT TACTCTACTGCAGTAACCTCCTAGCATTCTTCTCTGGTGGAA CAGTCAATGTTAAATCTTTGAAACCACAGTAAACAAAACCATGAA GGAAGAGATACCATACATACATATGTACAGTCCCTACCCCAAGAA CATGTAAAAACTTTGTTAATTTGTTCTCAACAGCAAGGAGTTCCGA GGCAAAGGGTATCTGACAAGTACCAAGAACAATGTTACTGCACGCT AAAGAACAAGATCCTGCAGAAGATGTGACCAGAC	CATA	G	17,8	244	CAAAGCCAACAATCA AGAGGA	60,2	ATACCCTTGCCTCG GAAAC	60,3	42,9	50	
685	BrPe4207	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 1850	4	2332	2343	12	3	8	GTGTTTTTGGGAAGAAAAGTATTGATTGTAAGGAATATAGGATT CATGAATATATGCATATGTATGAACTGCTTTCATGCGATTTTTTGG CATGGTTCCAGTGTGGGGCATAAACAATTGACAGGGCTGGCATAT GTCTTCATATTTATTTAATATAATTTGATGTTTCTGAAAATA AGGTAGATTCTTCTTGTATTGGATTATGGGGCATAGAATATCTAG AAGATTGAACTAAACTATGAGAGCTAATGTCACATCTTGTCTGGTT TAGTTATTCGGGCAAGTGTCCAAAGTTGG	TTTA	S	16,12	176	GGGCTGGCATATGTC TTCAT	59,9	GGAACACTTGCCCG AATAAC	59,4	50	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
686	BrPe4208	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 2135	4	573	584	12	3	8	GTTCCTGTGTTCTTAACTATTGTTTCTTTACTAGCCTGGGGCGTC TGTTGTTTTGGTTGCTTCATTCCTCTGGCTTTTGATTGGGAGACA AGTTTCTGTTATTGAGTTTTTCTTTTCTCCCCAGGACTAAITTTGGT GTCATGGTTAGTTAGTTATTACTGCGGTGCTCCGTGATATCAATTG AAACTTTTCAGAGCCAAATAAATCTTTCTGCTATGGTATCTGCGCTT CGTTTTAATCTCTCTCTCTCTTTATTATTAATTTTTTTAAAAATCTT TAAAAAGGCCTCTCTGAAACCGTT	GTTA	S	15,35	167	GGCTTTTGATTGGG AGACA	60,1	AAACGAAGCGCAGA TACCAT	59,7	45	45	
687	BrPe4209	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 2399	4	688	699	12	3	8	AATGTTATGGTATAAGTGAAGGTTATTATGTTTCAGGCTTTCCTTAT TCTTGTTTCATGGAGATCATATTCATCATGCTAAATTTATCTAGCTAA AGTCTGGAGATGCTTAAATTTTATCTTCATAATTGAGAGGCATATTG TTTAGCATTTCTTTCTTCATCAATGCTATAAGTGAGGTTTGGCTCTT TCTTCTGTCAGGACATCTTACATCGAGGAGTGATGTGTACAGCTTCG GTGTGGTT	TTTC	G	20,03	209	TTCAGGCTTTCCTTAT TCTTGG	59,7	CACCGAAGCTGTAC ACATCAC	59,2	40,9	52,4	
688	BrPe4210	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 2416	4	1394	1405	12	3	8	TCCATCATATGGTCTACAAATCTTGCAGGTTGACAAAACTAAATC CACTTCAAATTCAGTCCACATACAGGATCTAAAGACCCAGCC AATCCCGAACCATGTCAAAAATACCACTCAAGCATGCACAACATAT GCATCCAGTGCTATTTATTTATTTATTTACTCTGAATCACCAGCAA ATGAAAAGGTTCAATTGATAAAAATTTCTAGTCACAAATTAGGCATCAT AGGCATCAAATCGTCTAATATTCATCAATTCATTCAACACATGCACA TACAGAACTGAAGCCTTGACCGAGTCTTGTA	TATT	S	17,86	178	CAAATCTTGAGGTT GACAAAA	60,1	CCTTTCATTTTGCGG TGATT	59,9	36,4	40	
689	BrPe4211	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 2614	4	2706	2717	12	3	8	AAAGGCTTGCAATTTCAATACAGAGATTGATACCAATAAAAAAGTG GATGAAGGACCACAAAATGAAACACGCTATCTCGTTACAATGTGG CTTCGTAAACCTATAATAAATAAAGAACACGACCGGAATAATAACA TGCAAAACAACAAAAGAAAGAAAGGAAAAGCCTGCGCCTGACAA TGGGACCCACAACCTTTTGAAGTAATGGGATTTGGTCATAAATGAGG TTGCTTCTGTGAGTTGACAATGTACGGGGACCCGAAGGGCACAGCA GAAACTCTGTAGTCGTAGTGTGTGTTTTGTGTCA	AAAG	S	17,8	217	TGGATGAAGGACCAC ACAAA	59,9	GGTCCCGTACATT GTCAAC	60,1	45	55	
690	BrPe4212	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 2819	4	1409	1420	12	3	8	CTACCAGTTTTATAGGATTAAGTGAACAAGATTGGAATAATGTA ACAATTCATGTGTGGACATCCAGGCGCATCCAGAATTAACAAG AGTGAAAGGAAGCGGCTGTGTAGAACACTGGACTGCAAAAACTAT CTGTTGAAAGCCTGCATGCATGCAGCGCAGAATGAGTTGCTCCCGCT AAGGGTGGTAGTCAAGTTCTGTTTTCTGAGCAAGCCAGAGTGGCT GGTGGCAAAGTAACTGAGCTTCTAGCAATATCAAGGCACTACTAG CTCACATTGATTGACCCATCAAGACCAATCCA	TGCA	G	16,56	153	AAGGAAGCGGCTGTG TAGAA	60,0	AGCTCAGTACTTTG CCACCA	59,9	50	47,6	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
691	BrPe4213	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 2895	4	297	308	12	3	8	AGCAGAAACTTCTGTATAAAGTAAGGTATGGTACTCCACTTGCCTCT TTGAAAGAACCCTAAAATATGCTTCTGAACAAGACCCTATTCTTATT CATTGCAGGCCTATTAGATTGTCAAGGATCCCAGCAGCGTCAGAAT GGACGAGTCCATGCATGCATGATCTGTAATCAAATCTGTTGCTCAA CTTTCTACGTTTTAGTGAACAGAGGGAAAAATATGCAATATTGATTAG AGGATGTTTTGTGCGAGTGTAGATTAATGATCTAATGCTTTTCTTAAG CTCTGTAACAGCAAAACAGAGAGAGTAACA	CATG	G	13,98	154	TTGCAGGCCTATTAG ATTGTC	59,7	TGCACAAAACATCC TCTAATCAA	59,6	40,9	34,8	
692	BrPe4214	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 4103	4	1004	1015	12	3	8	CCAAGTGCAGCGTCGGTCCACTACCGACTGACTGTCATATAAAAATT ATATCTTCTGACTGACTCCACTCGGTCTGAAGACACTCATAAAC TGCCCTCAATATCAGCATATGTATTGGACTCGCTCGGTGATCACCAC AAAAACAACATAAATAAATAAGAATACAAGAATGTATTATCATTAC TAACTACATTAATGGAAAGTAAACCAAAAACAATGACTTCT ACTTGCAATTGGTCAAATTCACATATCCATGATGGGATTCAAAAAGG ATTATCCATGAAGTCTTTAAAAATCAGCAAA	ATAA	S	16,89	156	GGCTGATCACCACAA AAACA	59,5	TGAATCCTTTTTGAA TCCCATC	60,1	45	36,4	
693	BrPe4215	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 4406	4	4080	4091	12	3	8	TAATTGCAAAATCGAATTGTAAGCCTGTATGATACCAACTAATGATC ACGCTTGAAGCTTAGTAGCTCTAATCAGTAACCAAAAAAGCAAA AGTCTCATATCCTCCAACCAAAATGCCACCGTAATTAACAGATCCA AAATTTACATATCAATCAATCAGTAAAGCAATAAGAACCCGCTAAA GAAATTAACAATACATGAGAACTGAATTTTCAACAATAAATGGC AATTCAAAACAGAAACCCTGTCAAGTTAAACCGAAACTGAAAGCCA ACCAAAACCCAGAAGTCCAAATTCAAAAGATATG	ATCA	S	22,37	190	ACACCAAATGCCACC GTAAT	60,1	TTTGACTTCTGGGT TTTGG	59,9	45	45	
694	BrPe4216	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 5006	4	1847	1858	12	3	8	TGGTCGATTTTGAAAGGTCCTATTGACCGACACAGATCCTGGCGAA GTTGCGAACCATCCTGGAAGCAGGTTCTTGACTTGGATGTCATTTT GAAGAAAATAGCTTACCAGGCTAGCTCTTTTGTCTGGCTATAATTAC TCATAGTCTTGAATGAATGAAGCTGCAACTGCAGACTGTGTTTTATC AGACGCTTTATTGGGTCGAGTACGATGGATTGACCAACCCCTGCGG TGTTTCAGTTGACGTTGAAATCAACAAATGGGATTCGGTCGTAATTG GACAATAAATACGAACACATACCTTTTCGCT	TGAA	G	12,89	247	ACAGATCCTTGGCGA AGTTG	60,3	TACGACGGAATCCC ATTTGT	60,2	50	45	
695	BrPe4217	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 5016	4	3887	3898	12	3	8	CCATGTTGTAGCTGATTATTCAGITTTCTTCATTTTTTCCCATCTGA CATGCACATGCAGTATGTGCTGCTAATCAAATCCCAATATCTGCAG TATATATAATCCCTGAGGAAGAGAAAAATGTTTGTATCAGAGAGA AAAGCTGCACATGCATGCATGAGCTCAACTTCGTTAATCATTAAACCA ATCATCTAGITTTGATTTGGCTATTCAAAACTCGATTCTACGAATA GAACAGACATAGTCGGAAGAAATATTGATATCGAATCAAGATCAGTT TACATAGGATGCAGATCCTTTCTAAATATAT	CATG	S	16,61	195	TCCTGAGGAAGAGA AAAAATG	58,4	GGATCTGCATCCTA TGTAAACTGA	59,5	42,9	41,7	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
696	BrPe4218	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 5254	4	471	482	12	3	8	AGCCTTTCACCTTATGAAGAATTCAGAAAAGTCGCGATTATCCAACAA ATTCCATGCTGGTGAAGCAGCTTTTCACTAGTACGCCACCCAGAAGTGA AGCAAATGATATAGCATGTTGCAGCCCATCCATCAAATACTGCATCT GCAAAGTAACTACGTACGTACGCCCTTGAGGATCCTGAAATAACTT CACATATGAGATCAATAAA	TACG	S	12,73	159	CAACAAATCCATGC TGGTG	60,0	TGATTCATATGTG AAGTATTTCAGG	59,8	45	33,3	
697	BrPe4219	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 5348	4	1044	1055	12	3	8	GATTCTGAGTAAATAAAGTTACATTATTCTATTTAGAACACGCGGG CAACTTTTTATGAATGTTAGGTATGATATCATTAGTCATATTAATC GAGTTTATCTATTGGATTAATTTGTGTTAGAAAGTCAAAAGTCATTT AACCGACTGATTTATTTTTCGTTATATAAGTCAATAATATTATA ATCAGAACTTTACCGAAGTGGGTTAATAGGAGTAGCTACCATTGT TATCATTAAAGCGGACTTATTTCCAATTAAGCATTATGTCTTCAATC AGTGGCGAGACGACAGGTTCGGTGACTTTT	ATTT	S	15,26	180	ATTTAGAACACGCGG GCAAC	62,3	CCCCTTCGGTAAA GTTCTG	59,1	50	50	
698	BrPe4220	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 5560	4	461	476	16	4	12	ATGTTTCTTGCATCCCTTTTACTGTGAAAACCACGTGGACCAGGAGA TGGAATACTCCTGAATGGAGGATCATGCAAGAAGAAAATCACAGAG AATAAAAAGACTGTTCAAAGGGTTATTACATACAAAAACAAGTTCAT TAACTGCATCTGTTTGTGTTTGTGTATATCTACTAGTACAAGAT ACTTGGTTTGTATATCCAGACTGTACCAATCTATAGCGTAGGAT TTGGCTTCCTAGCTGATTTTTGATTGTTTGAGGCTCTTGCTAACT GAACTGCAGGCTTGATTCATTTTGTATCACAC	TGTT	S	16,67	237	TGGAGGATCATGCAA GAAGA	59,3	ATCAAGGCCTGCAG TTCAGT	59,9	45	50	
699	BrPe4221	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 5963	4	366	377	12	3	8	CTTAGAACGCTATAATTTCCCTCCTTAATTTGGCAGTTTAGGAGTGAC TGCATTTCTGCGAGCAGGTGTATATGTTTGTGTTGTTTATTGTC TTTTTATTATTGCTATTGCTGTAAAAGAGAAACAATAATGAGAAATA AGCAAGTGAGAAAGAAAGAAATGTTTAAAGAGAGTGAGCAAAAGGGG TTTCTATTTAGCCAGAAGACGTGCATGGTTTGGTTAAACTTGACACT AATAATTTCCAGATGAAAGAGTGTGTTATAAAGATTGTGCTATAC GACCAAGAGGCTTAAGTAGTAGATAGTAGAT	AGAA	S	15,42	167	GAACAATAATGAGAA ATAAGCAAGTG	57,7	CCTCTGGTCGTATA GACACAATCT	60	30,8	44	
700	BrPe4222	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 6248	4	3165	3176	12	3	8	TGCTATCAACCAAATTAATAGCATTGAAGACGGCTGTTTCTTCAA TGACGTGTTCCAACACTACTAAAAAGATTATTGATTTTTCTCTGGAGC TCTGAATTCAAAATTAACAGTCTTGACATCAATGGGATTGATCAAA CGGGGAGGATAATTAATAAACAGGATTAATCATCGATTAAAT ACTAATCTATAGCACCTAAGGCCATGAAGTCTTAATGAATTA ACGATTAACCTTATTCCTCCTTTTTATGCTCGACGATGAGCTTCA CTATAGTTGCTGCTTCCAACCTATTTAGTA	TAAT	S	17,92	250	AGACGGCTGTTTCTT CAATG	59,4	GCTCATGTCGAGC ATAAAA	59	42,9	45	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
701	BrPe4223	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 6356	4	2316	2327	12	3	8	CCTGAACAGGGCAAGACAATATGGATGGCAAGACACATACGTGTTTC ACGAAGGCCATGGGGAAATGATGATAGATAAGATGAGAGGAAAC ATACCGGTTGCATAATCCGACCCAGTGTATTGAGAGCACTTGCAA AGAACCCTTTCCTGGATGGATGGAAGGAAATAGGTAGGCCGTATAC ATTATAATACATATATCATTTTTATCTTTGCCAAACCTGAAATTATTA TTATTATTTTTAAAAAATTTTGGTCATAGGATGATGGATCCAATA GTTTTATACTATGGCAAAGGGCAGCTCACAGGA	TGGA	G	14,72	225	CCTGAACAGGGCAAG ACAAT	60,1	TTCAGGTTTGCAA AGATAAAAA	60	50	30,4	
702	BrPe4224	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 6821	4	1492	1503	12	3	8	TCTTCICTTCTCTAGAGAAACTGGCTCTGAAAGCGTGGA TCCTGCACCTGACGTATTGATGAACACCTAACCTGCCAACTCAAAAT TGCAAATTAAGAACAATAATCTGGAGGAAAATTCAGATACAGATTC ATTTCTTGGGTGTATGTATGTACATGTGCGGTGTTTTCAACAATGG GCCTTTCATTATATATGTGGCTAATACATTACTTCCCGCTAGCTACG ACGAAAACAGAAGTCTCAGCGGCTACTAGCAGTTCTTTCTTCGCT TTATGAAAAACTGATAAGACTGCTGCATA	TGTA	S	15,98	181	ACCTGCCAACTCAA ATTGC	60,1	GCCCTGAGACTTC TGTTTT	59,6	45	50	
703	BrPe4225	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 7372	4	204	215	20	5	16	TTGTTTGAGATGGCCGGTAAGAATTCGAGGAAGAAATTCCTAATTA GGAGGGGAGAGATGTGGAACCTACCTCCGAGTTGGAAGAATTGACC CGAAACCCACCTTTGACCCGTAGTGTCTCATGCAATGAACATGCAT TCATAGATGAATTTATTTATTTAATTTATCATGCAATGAGTC TTCATATGCATGGAGAGTGTGAAAAAATAATGAAACATAAAAA ATTGCTGAATGACATGCATCCACCTTA	ATTT	S	191,65	155	AGGGGAGAGATGTGG AACCT	59,9	TCTCCATGCATATG AAGACTCAA	59,7	55	39,1	
704	BrPe4226	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 7585	4	3215	3226	12	3	8	ACTATCTATGGCCTATTGCCAAAAAAGAAAGTTATCGACGCTGCTT TGTTACCTCTGCTGCAAACTCCCAGACAATAGGTTCTTTCTCAAG ATTGTTAAATTCGAAAAGAATGAATCTAATATTGGTGAGGAGAA TAGACCTTAACTAGCTAGCTAGGGAGGACTCTTCCAAGGAATATC AACTAGGTAGAAGAAAATCTGATATAATTAATAGTAGACTTTTCGTA AAAGATAATGCCGATCGATGCCATTATATATGCGGAGTTGCAGTCTT AATCTTTATTTATATATTTATTTGACGAAC	CTAG	S	14,62	219	TCGACGCTGCTTTGT TCAC	60,0	GCATCGATCGGCAT TATCTT	60	50	45	
705	BrPe4227	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 7620	4	2614	2625	12	3	8	GGTGGCTTTGGAGGTTTCGTAATGACAGGATTTAATGCAAAGGA ACCATGGCCTGACGCTGTGCAAAACCATAGAAATATTTCAGATATG GTTTTGCTCTCAGATCTGTCTGACTCGTTAAGAATCAGTCAGAA AAGAGTAAGGCTGGTTGGTTGCTACACCACCAATAACTGGTAC AAGTTGAACACAGATGGTGCTTTAAAGGAGATACATATATATGTG CAGGAGGCATTATCAGAGGCAACCATGGTGAGTGGTTGGGAGCTT TACATGTAATCCATAGGAGCTTTCGCTATCAGG	TGGT	G	17,84	204	GTGGCTTTGGAGGTT TCGTA	60,1	GCACCATCTGTGTT CAACTGT	60,1	50	45,5	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
706	BrPe4228	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 7778	4	732	747	16	4	12	ATTTTGTGGGCCGTATATATAAAATGTATATACTCAAATGCTC TTCAACATCGATCTGGACAATTACGGTCCATATCCAGCCACCTTGCT TCCAGACTAACTCTCGGTTTTCTTATTTTCAGCCAAAACAATAATATT TTTACAATTTCTTCTTCTTCCAGACGATGAGTTTTAACGGTCAA GGGAACAACACCCTTGTGCTCATTTTACGATTAATAAATAAGAAATT CTTAGGATTTTTCTTTTTTTAGAAAACCTTGAATATACATTATAA TATAAATCAATTCATTACATTGAGAGTTA	TTCC	G	15,77	160	CATCGATCTGGACAA TTACGG	60,3	TGAGCACAAGGGTG TTGTTC	59,7	47,6	50	
707	BrPe4229	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 8060	4	10651	10666	16	4	12	CGAAAACAATTAACAATTAGTAATGAGAGACTCGAAAAATGTAACC CAGACATGTAATGGTACCAAAATAGAAAAAGCTTGTTCATGCTTCGC AATCAAGACAATATCCTCTAAAGAACACAGAACAGCCCTCAGACAA TCACTGGCGCTATCATTTCATTCATGATGCGGATGATAAACACA AAACTGAGATGTGAGTTTACTGGGAAAAAATGCGAAAAACCATC TTCTAAATAGCACATGATTTGTACGCACGACGATTGATTCTGCCGA TCATAAACACAAATGTACATATTCCTAAATCATGACAA	TCAT	S	16,82	154	CACAGAACAGCCCTC AGACA	60,0	AATCAATCGTCGTG CGTACA	60,1	50	45	
708	BrPe4230	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 8133	4	435	446	12	3	8	CTGGGCATCGATAACGTTTTCTTCTCAATTTCTGCAATGGAACACTA TGGTATCCCCAGAACTATCCCAATTAGCTTCGGTGAAGTCATGAAAC CCGCTACTGAAATAAACATGGTCGCCCTTGCAATGAGACAGTATGTC AAACAGGCCACTTCTTCTTCCAGGTCCTCAATCACCGTGTGGC TTTTTGGCCAGCTCAGTTGCCGACGAAAACTAGATGGCATAACGCTT CCAGGAAGAATAATCATAACACATTCGTTATAATCAGAGGGAAATA TCAAAGGGAATTCAGTTATAATGGGATTGAC	CTTC	S	23,37	174	ATCCCATAGCTTCG GTGAA	59,5	CTGGAAGCGTATGC CATCTA	58,9	45	50	
709	BrPe4231	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 8314	4	350	361	12	3	8	TGTTTCACGATTCTTCGAGATTTTCGATCCCCATGTGGTTATAGGTAC AGGAGGATACGTTTCTTCCCTACTTGCCTTGTCTTTGCTCCAAG GAATCAAGATTGTGATCCAGGAACAGAATTCGTCCCTGGAACAGC AAATTATATACTTCTTCTTTGCTGCGGCAGTCTTTGTGGCTTATAA TTCGACTGTGAGTGTTCCTCCATAATAAGCATAAGTGCCTGGTGA GTGGCAATCCTATCAGGTTGTCATTAAGACGTTTCGTGTCAAAGGCG GTGGCGAGGTCAGAGTCTTTCCTAGGTCC	CTTT	G	15,25	160	CTGCTTGTCTCCAAG GAATC	60,0	CCACTCACCACGCA CTTATG	60,2	50	55	
710	BrPe4232	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_4 8385	4	2614	2625	12	3	8	GAAATTACTGGGCTTTGATTTATGTTGTCATTTGGTTAGGGTTT CTATTTTCAGATGCAATTTCTGCACATTTTGTGGTTTCTTTTTTTTCT CTTCTGCGTTGTTAGTATGTTAAAAATACATAGGATAATGGAGATTT CTGGTGATTTATTTATTTTCTATAAAAGACTGACCAAATGACATTA TAGAGCCTTTGATAATGCTTTAGCCATTTGAGTCTGGCCGATGTTG ATCTTCTATTGAAAGTGACCACATTTGGTAAGAACCTAGTAGGATGT TTTTCTGACTTGAATTCATGGATGAT	ATTT	S	13,73	175	CCTTCTGCGTTGTTAG TATGTTT	57,6	TCTTTACCAATGTGG TCACTTCA	59,5	39,1	39,1	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
711	BrPe4233	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 8458	4	468	479	12	3	8	TTTTGTGTTTTTTTTGGCTTCAATTCAGTGTCTGTTGGTAATTA TGGAGGTGGTGGCCAGTGTGAGTTATGTGGAGAGGGCTTTGTGGGT TTCTCTTTAATGGAACTATGGTGGTTGAGACTGTTGTGCTGCGG CAAAGTCTCTGCTTGTGATTTTTGGGTATAGCTTCCATTTAACT CTTCTCCCTGGAGTTATTGTTTCTTAAAATTAGTGTCTTTTGTGTA TTGACTCGTGTGTATGTGGTTGTGGGTGGTTTGTGTTCTGAGATG GTTGGATATGCTCCTCTTCGTGT	CTTG	S	16,7	218	GTGGTGGCCAGTGTG AGTTA	59,6	AAACCACCCACAAA CCACAT	60	55	45	
712	BrPe4234	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 9212	4	392	403	12	3	8	CCTTCAATCCACTGCTTAATAGACAAGACATTGATTCCTGATGCTT GGTATTCAGAGACTACAATGGAAAGATAAAGTGAAAGATAAAGAA ACAACCTCCAGATTATATAACAAGTAAAAGACTAAAATAGTTAATGC ATTCCATCACCTTTTGTGTTGAAATCTTTCCTCCATATAGATTT TACAGTTTCTGCTGTGACAATGGACGACATACTGAAACATTACGGA ATCGAAAAAATACTAACAAGAAGCTGCAGATTTATATATCTTCCTT AGATCTTTTGAACATCTATCATGGTTGGTCTA	TTTG	S	15,95	185	CATTGATTCCTGATGC TTGG	59,1	GTCGTCATTGTCA CAGCAG	60,3	45	55	
713	BrPe4235	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 9604	4	731	742	12	3	8	TTTTACTCAGGTTGCGGTGATGTCCGGAGTAAAGTATAATACTACTG CGGATGAGTATTTAAATCACGATATCGATTGGATCCATAACAGTA GCATCTGAACGCACCAGTAAAAGGGGACAAAACATATAGCAAAT GCTGCTACTACATTTATTTATTTACCCGGATATATAAACTATAAC TCCATAATTTAAAAAGAAAGAGAGAGAAGTGTGAGGCCTGG GATTTTTCATATATGGATAGGTTGATTATTAATGATGCAAGAGACTG CCCGAATTATAAATAACTTTGTATTCCATGTGA	ATTT	S	14,98	175	CCACGTAAAAAGGGG ACAAA	59,8	GGGCAGTCTCTTGC ATCATT	60,2	45	50	
714	BrPe4236	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_4 9845	4	568	579	12	3	8	TGCGTGATAACTGAGCCATAATCAGTGGTCGTTTTCCACAATGGC AGAGGACATTTTCATGGCCACCAACATCTGAGGTTTACCCGAATCT TCTTCTCATGCATTACAAAAGAAAACTCTATCTTACTTAATGTG GCGGCAAAATCCTTCTCCTGAGAACTATAGCCCTGAAGTCTATG CTGATACCATAAGAGTTATGCTGATACCCGACGTCGTGACCTAGA GTTTCGAGGTTGGGATATGGTTTTTCTGAGAGTTGCTCCATGGAGGG GAGTTATACGGTTCAGGCAGCGGGTAAGCT	TCCT	S	260,09	173	TACTTAATGTGGCGG CAAAA	59,2	CGCTGCCTGAACCG TATAAC	60,7	40	55	
715	BrPe4237	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 0045	4	854	865	12	3	8	TATTTACTGTTGGCGTTAGTAATTATAGTCAGGACTGTTTACGTG CATGTCAACAGGTAGGTGTTCCCATGTCATAAATCTCCCTTCTG TACGTTCCGGTCTAATATCTCTAAATCAAAATGCAGACATACAGGG GCAAAAACCTACCAACCAACACATGGCAGGTTATCTTTGAACCTCG AAAACGTGCAACAAAATGGTAACACACTCCAATTGGCGTTGGC ATCAGCTGCCTCATCTGAAATCAAGGTAATAAATACTGAAGATTGGT AGTGTACAGGTTGGAAGAACTTCGCAAAATGAA	ACCA	G	17,4	169	TCTCCCTTCTGTACG TTCC	60,2	TTCAGATGAGGCAG CTGATG	60,1	55	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
716	BrPe4238	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 0065	4	1066	1077	12	3	8	AGTAGGTATGCTTAGTCACTAGCAGCTAACCGTTGTTC AAGTTAAAT GTGATAGTAATGGCATTGTGCTTTACACCTTTTTTGTAGGTGAAAAAGG CATCGCATCGGCTCAAGCAATGGCTCATAGAAAAAGGTTACACGGGA ATCTGAAGAACCATCCATCCATTAGAGGCGCAACAAGTTTCTCTTAA CATTAAAGAGCAATCCTCCACCGTTGATGTATGGCATATAGATGTGC TACCTACTAGTATGGTTGCGTGCAAAACCAAAAACTATTATATTTAA CACTTCAATCAGTTAATTGTTTTTATATTG	CCAT	G	17,03	158	GCTCAAGCAATGGCT CATAGA	60,5	GTTTGCACGCAAC CATACT	58,7	47,6	45	
717	BrPe4239	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 0084	4	1872	1883	12	3	8	GCAATGAGCATTCCTAGTGAACAGTATTACAAGATAACTCTTAATA AGAACAGAGTAAATGTAAAAGGAATTACTAGAAAAATATAAACC TACAGAGGGGATTAACAGTCTTCATATCAAAAATCCATAGACTAA TAAAGAGAAATGTATCTATCTATCGGCCATATCTTATCACACTATAT GGTGTACCTGATGCTTCTTCACATTCTTTCTTACAAGGGTTATATAG TTAGTCATTTGCCATGCCAAAGCATCTGTTATCCAATAACAAATTTTC CTTCAAATGCCACTTCATTTGTTCTGTCTGTC	TATC	S	16,2	159	CAGAGGGGATTAACA GTCTTCA	58,3	TTGGCATGGCAAAT GACTAA	60,1	45,5	40	
718	BrPe4240	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 0398	4	1005	1016	12	3	8	AGGGTCTTTACTTCAGTTAATTGAATGCCTAAGTTTAAACATGTTCTT ACGTAATCATAGGAGGGCATGCTTGTTTCAGTCACGGCTGGAGATGC TTCAAGGTTAGTAGTCAACTTACTTTTTTCTTGATTTTCATCAGTCT ATGGTTGATTTTGTGTTGTTGATTTACACTTGGTTTTGCTTAAAGGGG TTTGCCTTGCCTTATGAAGAGAAGTTCGGTAGGATAATACTTCAAC GTGTTATATAAGGAATTTCTCTGCCTAATTTATAAGATCGAAATTTG AGTTGCATTCGCTAAATTATAGTCATTA	TTTG	S	13,81	158	CATAGGAGGGCATGC TTGTT	60,1	TCTTTCATAAGAC GCAAGCAA	60,2	50	40,9	
719	BrPe4241	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 0672	4	182	193	12	3	8	AGGGCGAGAGTAGCCATGGTGGTATGCAGCCAGACTTAGACAATC TCGATCGAGACAGACCTTGCCCCAGATTCTAGGAGCTCAGCCAGAG GTTGTGGCAGAGTGCCAGATGAGGATCCTGTTGATAGAGTTTACC AGGATGGAGATTTGGATGGATGGAGACAGTCAGTTGGCCAGCCAGT TACTGTGAGGCCATCTAGACCCAGACTCCGAGCCAGG	TGGA	G	683,54	169	TGGTATGCAGCCAG ACTTA	60,4	AGTAACTGGCTGGC CAACTG	60,3	50	55	
720	BrPe4242	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 0727	4	568	579	20	5	16	AGAGCAAGTATACCGCAAGTTTCTTTTCAAGTCCCCACGTTCAATG CATCATTTGGACACTGGTTGCTTTCATGTGCAAGCTTGAGCTTTTCG TCTGTGACAACAAGATTTAGAAGCTAAAATGAAAGGACTAAAGCGT TTAAGCCACCACCAACCAACCAGCGGTCAGGCGAATCTGAAACATA TCCAAGCAGCAGAACTACACCTGCGGTGCCGCTTGATTACATA TTTTGATCTGACAGCCAGAGATTTCTGAATATCCCAAAAAAGTTAC CAATATCTGGAACATTTTTATGTAATAACTACA	ACCA	G	16,86	169	TGCATCATTTGGACA CTGGT	60,0	ACCGCAGGTGTAGT TTCTGC	60,3	45	55	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
721	BrPe4243	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 0785	4	962	973	12	3	8	TCCAATACCTAATATATTTTGTATTTTATAAGATTACTTCCATGACC ACTGCAGCGATAATCTCGTTATCTTCAGCAAGATTTTCTTGAGGACT TGATTGAGGTGGTTCATTGGATATGCTCTCTGTACATTGTTTCCTTG TTGGTTATTTGTTTGGTTTGCATTAGTATGCTTTATGCTCTGGTTTCTA CAACAAAGCAAACATATCCTTCTCTTTTGAATTCTATTATCATCTCTC TTGAGTATGCTTGGTTTTTATATCGCCATGTAAACTCCTAAAATAT AGAGTTAACATGTTAATTTGATA	TTTG	G	50,14	155	TGAGGTGGTTGCATT GGATA	59,9	CCAAGCATACTCAA GAGAGATGA	58,6	45	43,5	
722	BrPe4244	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 0950	4	1190	1201	12	3	8	GACAAGTCCCGTAATATTTCAATATTGICTGGATCAATCTTAATGC ATTTTCGATAGCATTGTGATGGCTCTCTATATCTCTGTCAGACCGAT AAAGGAGACCATAAACATGCCAGCAACATGACTTTTAAAGGTCATT CTGCATGGGCAAGAAAGAAAGAGCTCACATCAAGTTACAGAAACA ATGATATCAAAAAAAAAAAAAATTATACAACATTTAGAGAGAGCTTC TTGACCTTAAGCCTAGCCTGACAAGTTCATATGCTTCAGATTCATT GATAAAGTTTCTGGTCAAGGGAGAAAGAAAGAAATT	AAGA	S	16,1	162	TTGTCTGGATCAATTC TTAATGC	58,3	TGTCTTCTGTAACCT GATGTGAGC	58,5	34,8	37,5	
723	BrPe4245	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 1153	4	744	755	12	3	8	AAGTTTTAGTGTTATGGTTGAATTTCTGAGGTTCCGGTATCTCAGTTAT GGTTTCTAGAGTTGCTCTGGGTTCCATAGGATGTCAGGAGTGTCT GAAAGAGTTTACTGAGGATTTTATTTCTGTTGAATTATTTTAGGATA CTGATATCTTATTTATTTATATTTTAGATGTAATAATATGACACAGAT ATCGATGCATATCTCAATAGGACATTGACAACCTAGGTGAGTTGGA CCTTATTTAAATTTGTTTCAAGTATTTTTTTTAAATTTTCTATTTTAA TTTTGAGATTATTTAACTATTGATATT	TTAT	S	23,52	169	GGGTTCCATAGGATG TCAGG	59,2	TCCAACTCACCTAG GTTGTC	58,2	55	47,6	
724	BrPe4246	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 1495	4	2401	2412	12	3	8	TACAGTAAGGGAGAAGCTCGAGAACTTGAGGGTAAAGATCCGCCAA AGAGGATACTTTGAAACAGAGTGTATCCAGAAGCTATTTACTACTCAA TCTATGGCTACAAAATGGACCAACGTATCGATCTACAACACTGGGG GTAGATATTATCTTTATTTATTTAATTTTTTGTGTGGGTTGGTTGCCT TTAATATATATTTGGGTCAGCCTAACAGACTCACTCTTATCATTTGC ATTTCTTAAATATCGGAGCTGTAACCTGGTTGTTGACCTGGCAGAGT CTGCTGTACTGTGTCGATGCGAATCTACC	TTTA	S	13,52	157	TAAAGATCCGCCAAA GAGGA	59,8	TAAAGGCAACCAAC CCACAC	60,8	45	50	
725	BrPe4247	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 1618	4	717	728	12	3	8	TCACAGTCTCCTGTGCAGACATTCTAGCCATTGCTGCCAGGGATGCA GTAGCATCGGTAACATCTATTTCTTAAAGAACATGATTCTCTATCA TCCATCAACCTCAACATCTTTTTTTCTTTCTCTGTAATAATCTGTG GTTTTCTACATGCATGCATGGAAAGAGAGGTGGCCCAAGCTGGAAA GTTCTACTCGGAGGAAGGACTCTCTGAAAGCAAGCTTTGATGGTG CAAAATCAGTTCATACCTGCTCCAAATTCCTCACTGGAGACTCTCATT GCCAATTTCAAGCAACAGGGTCTTGGAAATAG	CATG	S	15,34	180	TTCTCTGTAATAATC TGTTGGTTTTTC	59,1	ACCCTGTTGCTTGA AATTGG	60	34,6	45	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
726	BrPe4248	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 1737	4	1207	1218	12	3	8	GAGGTCITTTGTCCTGCTTCTCTGGGGCTTGGCCCTCCACTGTCTTAG GCTTTTGGGCAGAAATTTGGGCTTTGTCTATTAGGGCCCATGGCAGTC TTTGGGAGGGTCAACTTTGGTGCAATGGATTTTTCCTTATTTTGGCC GAAGAATCTTGCCTGCTTGAGCTTCCATAACAGTGTCTTGGGGTGA TTCTCCATCAAGACCCAAATCAAGGATCTCCAAACGGGATCTTGATC CCCCAATTTCACTTCTGTCCATTGTGTCTTTGGTTGGCTCTTTG AACCCAGACCCGAGTTGGACCGGTC	CTTG	G	18,49	203	TTGGCCTCCACTGTCT TAGG	60,2	AGATCCCCTTTGGGA GATCCT	59,9	55	50	
727	BrPe4249	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 1778	4	1169	1180	12	3	8	CTCCGTCGAAAATTATTGAAAAGTTGCCAAAGTCACCGGCGACA TCAATCAAAATCTCAATCAACCACCAACTTGATATTAGTATCATGG CAGTTGGTCAACTGATTTAATGTTGGGTTTATATATCAGCAGAGGG TCCCGTTATGATCGATCGATCAGGAAAAATCATATCTGTATGATTG TTTTCTTTTCAGTTAGGTTTGAATTTGACAGTAACCAAGACTTGAT ACTCTATACCACGATTGATATGCAGTTAAAAATAATAGTAACTCGTG TGAAAATTATAGTTGAAGGGAAGACCGTA	GATC	S	14,3	225	CCGCTGCAAAATTAT TGAAAA	60,1	TTGGTTACTGTCACA ATCAAACT	59,8	33,3	37,5	
728	BrPe4250	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 2213	4	3833	3844	12	3	8	GCTTATGATGGTAACAATAATGCAAAATTTGGTCTCTGCTCTTTGATA AATCCGTTGACAAGAAGCACCATAGGAACAAACAAAGAGAACATA ACAAAAGATAAAAACGAAAAGCATTGTTGTCATTGATATTGGAAC ACAGGTCATTAGTGGATGGATGGACCAACACATCCATGGGATTGTG CTTGATAACATATACAAATTATTAATTTTAAAAGGAGAACTCATT GGAAAGCTGTTCAAGGAAGTAATTCATTCCTTTTTTAACTCGGAA TTGTGAGATCCCAAAAACGAAAAAAAACATA	TGGA	G	16,77	191	ACGAAAAGCATTGTT GTCCA	59,2	TTTTGGGATCTCAC AATTC	58,9	40	38,1	
729	BrPe4251	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 2485	4	2323	2334	12	3	8	ATGAGTCACGCATGAGTTAACGGGGGAGGCTAACTTCAACTCTTCA ACTCATATATTAGTATCTAATTTGGGAAATGAATGGATAAAATTATTGT GTTTATGGGTTTAGTTGGATTGAAGAACTGTAATTTAAGTCAACA GTCGTGGTTCGATAGATAGATATTTGCATCCATGACATTAGTTGAA ATGTCATAATTTGCTCGGAATTTGCATATTGACATCTTAACTGCG AATATGTTTCGTAGTGGACATAGATGTTGGTAATATGAACGCTTTA AATCCAACACCAATAGTCTTATCATTTAATC	GATA	S	17,61	158	TCTAATTTGGGAAATG AATGGA	057	CAATATCGAAATTC CGAGCAA	60	33,3	38,1	
730	BrPe4252	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 2575	4	2645	2656	12	3	8	TAATAGTTGCAGGTAGAAAACAATCACATTTACTATTCAATGCCACC TTTTGAGTATGTTATTAAGAATGTGGGGTTTTTAAAGGCTGAGGAG GAAGTAGCAGGTTCTTAAAAATTTGAGTGGATCATCAAAATGAC TTACCTTTGTATTATTATCTATTCTTTTCAAGAATATCCAAA CATTTTGGCTTATTGCAGGTCAAAAAATTTTGGCGCATAGATTG GAAGATTATAAAATGTGGATGTGGTTGATCCCATGGTTTGTACCA ATGTGTAAGATTTGATATGCCATTTTGGT	TATT	S	20,36	155	AGGCTGAGGAGGAAG TAGCA	59,2	TTCCAATCTATGCC GCAAAAT	60,4	55	40	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
731	BrPe4253	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 2786	4	1661	1672	12	3	8	TTTGTTTAAACAAGTCTAGGGGCTGTTATTTTGTTCCTATTTTACT ATAAGTATGGAGCTTTGACCCCGAGTTAGACCCAGTCGAAGACCTG GTTTGACATTTTAGTTGGTTTACCCATCAAGACATGTAGTTTGAGTA GTCGAGTACACATTCATTGAGCATGTCATGTGTAAGTCGTGCAT TTTTTATTTCAAATTTGTCGTGCACATGGATACGTGGAGTTCGAAG GTTCAAATGGCGAGTGTGTTTCCAAGTCCCGATTGAGACGAGGTG AGAGCACCTGAGTATCTTATGAGTGTGG	CATT	S	25,4	202	ACCCCGAGTTAGACC CAGTC	60,4	CGGGACTTGGAAAA CACACT	60	60	50	
732	BrPe4254	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 3021	4	203	214	12	3	8	TACTGACACAAACTGTAGAGCGGCAACCATTCTAGTTGCTTCGTGTT TCTGCGAATGGCTACATCTCTAAGGAGCAGATACGTCGAAACATAC CAACCCAGAAGCGGTTTGTGATTCTCATCGACAAGGCCTCATCGTG GAGGAGAGTTACAGACAGACAGTTGTTATCAGGCTTACGAAAGTCG GACCTGACAAAACCTGCTACCCTCGAAAGCATCTAAATCTTCTCAG GTAATAATAAACTTAAACTTCTTGATGGCTGTCCTTGACATAA TAAGCATCGGCTTCGTGCCTTGCTGATATTAT	ACAG	G	15,4	179	TGCTTCTGTTTCTGCG AATG	60,1	TGCTTTCGAGGGTA GCAGTT	60	45	50	
733	BrPe4255	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 3162	4	3129	3140	12	3	8	GGTATATCTGTGTTTCTTTCAAACCTTTGCTGTTCTGTATGGGCA AAGACACATGTGGGTTAGGTTCCGGTTGAGAACATCGTGACTCTTAT TCTGTCTCTACGTACCCACCATTGGTAAGCTGTGTAACGAGACA AAATGCCACAACAACAAGCCACCCTCGAAAATGATTGATGG GTTTGCTCCCTAACAGTATATTAATACTAAGAAACCGATTCTTTA TCATGCAATGATAACTAAGCGACAAATGTTTATGAATGTATGGTATT CGGCTTTTGTCTTTTTCAGCATCATTATT	ACAA	G	17,38	239	TGGGTTAGGTTCCGGT TTGAG	60,0	AAGAAACAAAAGCC GAATACCA	60	50	36,4	
734	BrPe4256	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 3501	4	2114	2125	12	3	8	AACACTACTTTTCTCTTAATAAAAAATCAGGAGTTTGATCATTACTT TTAGCTGGCAACTCCTAATAAAAAAGCATATCACTACATGTTTCATATC TACCAAGAATTTGCTTCAGGAATCTTATCCTTTTCCGCGCAATTC CATCTTCCCTTATTATTTAATCTTACTGCAGAGGATATGATTACTTA ATCATTATTATTAATTCATGCAGTAACATTAGTTTTAATATGTGTCG TCATTGTCAAATCATTTCGCATATTGTAAGAAAAACAGACAAAAC AATCAACTCGTAGGAGATTGTGTGGAC	TTTA	S	17,51	165	ACCAAGAATTGCTT CAGGA	57,4	TGCGAAAATGATTT GACAATG	59,6	40	33,3	
735	BrPe4257	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 3955	4	342	353	12	3	8	TACTGATCCAGCAATCCAGTACAAAGCTTACACTGACTATGCATTG ATATGGGATTGATTAACAATCTGAGCAGCATCGGATCAACAAGAT GGTCCGGTTTGTGAATTGGCGATAAAACTCTGCGGTATTGTGCCAA CTTTAACTGTTCTTCTTCTGCTTGATGGGTTCTAATCTTCCCTGA CCTTCCATTACTTTTAGGACATAAATTTCTCATTACTTTGGTATTGG CTGTTTTAGCGTTCAATTTAATTTGTTTCATGATGCTCTACAGTTCT ATACTATTGGTATGTCATGCTTGACGCT	TTCT	S	17,61	167	CAACAAGATGGTTCC GGTTT	59,8	GAACGCTGAAAACA GCCAAT	60,3	45	45	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
736	BrPe4258	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 4241	4	402	413	12	3	8	CGACATGCAAGTACTGTAGAACTAGTTTCAGTAAAAAGAGCAAACA ATGCAGGTTTGAAAATGGACAACCTGGCTGTTTCGATTAGACTAATA AGCAAGTGATATTCGATGACTCACCATCTTTTGCCACTTGTGATATA TACCAGTGATATCTTCTTCTTCCCTCTGCAGATCAAATATATTCAT CCCAAATGCCACCCACAGGCATGCGCATCAAAGTGTCTTGCAATA TGATGATTCGAAAGGTTCCGATGAAAAGTTATACCACATGTTCCACT GATCCATTCACTTCCACGCAAATCACTGA	TCTT	G	16,73	207	TGCAGGTTTGAAAAT GGACA	60,1	TCGGAACCTTTCGA ATCATC	60	40	45	
737	BrPe4259	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 4579	4	1825	1836	12	3	8	AAAGGCTTACCTCTTGTACTGCTCACTTGTGCAAGTGAATACTTT TTCTGAAAGCTGGCAGCCCGTGATTCCAGAAAACGACATTTCTGG TTGTGCTTAAAGGTTTTTCGAACAACAACCAGAATCACGGCCAGAGA CTTCAATTTCCGGCCGGCCGGGACAGGTTCTCGTAAGAAACAAG TGATCTTGTGACGCTAACATCAGCAGTAATAACCTTGCAGCCAAA AGATCTAAGACTAAATTAATATAGTTTTGTAGATATCATCACTTAC AAATAGTCAATCTAGCCGCTATATATACCGAT	CCGG	G	15,4	168	CGCCAGAGACTTCA ATTTT	59,3	CGGCTAGATTGACT AATTGTAAAGTTG	60,7	45	37	
738	BrPe4260	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 4613	4	374	385	12	3	8	GTCCTCACGAATGCGTAGTCTCTGTAATGTAAAGAGATAAATGTA ATATCAACAAAGGATAAAATGTTTGAATTAATAACCAAGGTAGAGG ATCCGGAGGAATAGAAAAGAGATATCCAGATAGTCTTAAAGAAATATGT GGAACAAAAGGAAAGAAAAGAAAAGGTAGAAGCTTATAGCCTAAA TGATATATTATTTAGAAAACCTAAAGAGAAAAGTGGCAACAACCTGAG GATCTTAGAAAACGAAAGTATATATACTTAAAGGAAGAAATGAAAAATA TGAAAGAAGATTCGGATCAACTTAAGAGGCAAATAA	GAAA	S	39,13	230	CCTCACGAATGCGTA GGTCT	60,3	TCCTCAGTTGTTGCC ACTTTC	60,3	55	47,6	
739	BrPe4261	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 5044	4	1415	1426	12	3	8	TTGTGTATTTTAAAATGTCCAATATTAATAAAAAAATAAACCTG ATGGAATCATTAAACAAGTAGAACAGTTTGTGCTGCTTATCTTTTC ATTGTCAATCGTGCTAAAGGTGTAATGAGTAAGGACAATAGTTTTTA TATTTTAGCTTCTTCTTCTTCTTCTGCAAGTTTCTATGTTTTAGACAG AACATACAGAAAAAGGAAAAGCAAAAAGTTCAAATCCTACCTAGT ATTCCACCTTTTTATTTCGGTTGTAGTTTCAGTTGGTTAATTGAAGA CCCTACTAGTGCTAGATTCTAATCCATA	TTCT	S	16,43	164	TCATTGTCAATCGTGC TAAAGG	60,1	CCGAAATAAAAAGG TGGGAAT	59,2	40,9	38,1	
740	BrPe4262	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 5048	4	375	386	12	3	8	TGCCAACAAAGTTAAAGCTGAGCATCAGCGACCGGCAGGCTTGTTAC AGCCTTTGCTATCCAGAGTGAAATGGGAGCACTTGACGATGGA CTTCGTCGTAGGACTGCCAAGGACACAATGTGGTCATGATGTTGTTT GGGTTATAGTGGACTGACTGACTAAGTCGACACACTTCTGGCTATC TGGGT	GACT	G	845,66	161	ACCGGCAGGCTTGTT ACAG	61,2	CCCAGATAGCCAAG AAGTGTG	59,7	57,9	52,4	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
741	BrPe4263	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 5480	4	1090	1101	12	3	8	TTGTCCTCTGCTCAGGATATTACTTTTCAGGTATGAATCTGTCAAGTG CTTGGTTAGCATCATCAAGTCCATGGGTACTTGGATGGGCCAACAGC TGAAAGAAGGAGAGGTGTATTTGCCCTAAGAGCTCCGACATTGATAC TCCTACAGAGAATCAATCAATCTGGGTGGAGAGGATCCAAGTGCC TTTGAGAATGACTTCCATTCCAGAGTAAACCCAGAAATGTCACCTGC TGCTACGCTTGAACAGCGTCGAGCTTATAAAATGGAACCTCTGGTTA GTTGTTGCCTACTCATTGTGATATTCAATATT	AATC	G	16,51	184	GTCCATGGGTACTTG GATGG	60,0	CTGTTCAAGCGTAG CAGCAG	60	55	55	
742	BrPe4264	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 5655	4	1481	1492	12	3	8	CTCATTCCATAGTATCTTCATCGAAGAGGTAATGATGCATTTTCATG ATCTTTGCAGTGAGAACTCAAGAATTCTGTAACTGCAACGTTTC CTCGATGAACCTCCACTTCAGCCTGTATAGGTTTTTTGTAAGTCAA TCTAATAGCCATCCATCCATGTTTTCTGGAATTTTCTCATCAAAT GTATAATCTCTTGACAATAATAATATGTGAGTGATTTGTCTCTCT TCACAAAATTCGATTATGTATCAGTCACCCAATGATTCAGTAGAGGT TTTAGACGGTGAGTAATTAATTTAGTGA	CCAT	G	20,31	150	TGCATTTTCATGATCTT TG CAG	59,8	TGATGAGGAAAAAT TCCAGAAAA	59,9	38,1	30,4	
743	BrPe4265	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 5657	4	667	678	12	3	8	TAGCGGATTTGGATACGAGAGTGAGGTCAGACTTCTCCGCAACG ACGACGATGACATGTTGTGTGAGTGCGGCCATGTTGATCTCCTTA CTCGCGCCCTTAATGTTTCCATTCTCAAGCAGCAAGGTTCCAGCAG TGAAGCCATGTAGTAGTACGATAGGGGCAAGCAACTAAAGCT CTACTGTCATATAGCAACTGAATCTAGAAACGGTGTGTGTGATTT GTGCTTGGCTAATAACTTTTTGTTGCGTCTCTAAAAGTACGAGTAAC TGTTATAAATAGGGTACTAGTAGTGCAAATTT	TAGC	S	12,27	151	AGTGC GGCCATGTTT GAT	60,1	CGTTTCTAGATTCAG TTGCTATAGTG	57,9	50	38,5	
744	BrPe4266	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 5706	4	295	306	12	3	8	TCTGTGTCTCTAATCTCATCAATTTGAGACTGACTCTACTAGCTTCC TTAGAAAGGAATTTCTATTTCTAGGAAACACCTCTCTAGAACAAC ACTTGTGTGCTTGTGGGTGGTAGAAAATAATCCTTTCTGTTTCTTA GGATATCCAACAACAACACTTCTTAGACTTGGATTGTAATTTATC AAGTGTACATATCTCACGTATGCCTCAACCCCAATCTTGAGAT ATGTGAGGTTGGGACTTCTCCATACCATATCTCATA	AACA	G	868,32	165	CTTTGTGTCTTGTGG GTGGT	59,9	ATGGGAAGAGTCCC AACCTC	60,3	47,6	55	
745	BrPe4267	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 5888	4	805	820	16	4	12	GAAAAACAGAGCAGTAGACATAGTTGTGTACATGAAGCATTACCA TTACAATGCTAGAGAAGTCTCCAGGTTACTGGCACAGAGTACTAC GTATACCAACCTTAACTTCCCATGTTGAGCTGATGAACACAGATAGT TCAAAACGATTGAAAGAAAGAAAGAAACAGAGGTTACTATGCTTTT ATTTTTGACCAGTTGAAGTTGCAATTCGAACTTCTCTCGGGTTTAA ATGCCAGCAGAAATGAGCAAGGAATGAACAGTTTGTCTCTCACAGT GCATAACATGACTAACAGGAAATAAAGCATGTTTGT	GAAA	S	16,09	185	CTCCAGGTTACTGGC ACAGAG	59,9	GCTCATTCTGCTGG CATT	60,4	57,1	45	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
746	BrPe4268	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 6093	4	2144	2155	12	3	8	TGTGCCACCTAATCGTTAGAACCTGTTAAATCTATGTGTTTATCA AAAAAAATATGCTCAACTAAGCCTTAATCCATGGCTTTCAATCCT CAAGACAGCACAATCGGGCAACAAGTCAAAACAAGATTAGGGAC TTGGGTAGTAAAAATAAATAAATTAACATCTATGCTACTAGTTTACAA CGAAATCCAAGACACTTATTGGCAAAAACATCAAGAATGGGGCTGA AAGGTCCAATATAGCTTAAATCATCATATTTCTTCTTCTCCCTTT TTTTAACTGCACGCACCTATCAGTTAACCTG	AAAT	S	20,38	156	ATCCATGGCTTTC AAT CCTC	58,9	CAGCCCCATTCTTG ATGTTT	59,9	45	45	
747	BrPe4269	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 6322	4	422	433	12	3	8	AATCAAGAATCAATTCAATTTCTGTGCGCACATTACGAAGTGATA ATGCCAAAGAATACTTGTGTCAGAAAGCTTTTCAGGTATATATGAAGCA ACATGGAATTTCTCACCAATCATCTTGTGTTGATACGCCTTCTCAGA ATGGAGTGGCAGAAAGAAAGAATAGACACCTTCTTGAGACTACTCG TGCTTTGTTGTTCCAAGTAAAAGTTCTTAAACAGATGCTATTTCCAC TGCAATTTTTGATTAATCATATGCCATCTATAGTACTTGATGGTGA CATCCCTTATAATATCCTTTTTCTCGTAAAG	AGAA	S	61,12	177	TGCGCACATTACGAA GTGAT	60,3	CTTGGAAACAACAAA GCACGA	59,9	45	45	
748	BrPe4270	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 6475	4	346	357	12	3	8	GTTGAATCTTTTACCAGGTTAATTTGTTTCTCCTGTTATATATGT AATAATGCTACAACAATGTATCTGGCATTTTAACATACACATGGAA GCATAATATAATTTCTCTGCAAGTACAAGCCGTACCGTAATTAAC GTTAATATTAATAAATAAAAAACGGTCTTAAATGCAAAATCCA GAAACTAATACCAATCAAGGATGCTAAAAATCAGGCCCGAAACTC GGTTGGAGTTTGGGAGGTCGGTCAGAAGGGGAAGTCCAGCAAGACA TGTTGAAGGTTTCAGTACGAGTTGCATGGCCTG	TAAA	S	15,04	199	TCTGCCAAGTACAAG CCGTA	59,5	GCCATGCAACTCGT ACTGAA	59,9	50	50	
749	BrPe4271	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 6853	4	590	601	12	3	8	TTGCTATAGCGAGGAAGGTGGCTGTGTCAACATGGAGTTAATCCT GTGATGATATTTCTGCAACCTGATCGCTCGGGGTTATTCGGAGAG GTGACTTGCTGGAGTTTGAATGGTTAGTAATAATGATCCAGGCT TCATCCGAGAAGAAAGAAAGAGTTGAAAAGATAGATATTATGCAAT CCAATAATAAAAATAAACTGAAATAATGGTTGTCACAATCTTTCATA TCAATATTTCTTGCCAAATGGAGTCTGGTCTGTCTCGTCATTGTTT CATTGGTTGGTTTCGTGACTCTACCATT	AAGA	S	13,93	186	ATAGCGAGGAAGGTG GCTGT	61,2	TTGGATTGCATAAT ATCTATCTTTTC	57,1	55	26,9	
750	BrPe4272	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 6987	4	2048	2067	20	5	16	CGTTATGTTGGGTGCTAATCTGATGCAATTTACACTGCAGCAGGA CGGCAAACCTCATTGTTCTTAACATCTTACAGGCTTTTACCATCTCT GTAATGAAAATGGAGAGAAAACAATGAAGTACAAGCTACCATATC TTCAGAACCTATTTATTTATTTATTTATTTGTTTTAATAGTTAGCCAG GTAGCTTTTTAGTTTTACTGCATGGGGAAGTACCATTGGAGTGATG GGCATGATCCACTGAAAAGAAATGACAGGGCTCCTCTGTACCGAA CAAGCTCTGCTCTTAGCTTCCTTAGATGGGGCTCAT	TATT	S	14,02	225	GGACGGCAAACCTCA TTGTT	60,0	AGCCCTGCAATTTT TTTTCA	59,8	45	40	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
751	BrPe4273	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 7329	4	907	918	12	3	8	GAATCAGTTAATAAAGTATCTTTGGCGATATAATTTTCTAGTGTGA CTGTACTGCACACGTCGGATAGCGTAAAGTCATAAAGCCTCCTTC CCGTTCTGTCITTTATTCAACTTCTTCCGGTTTTCAACTCAGAAAAG AAGTATCTCCCGCCCGCCGTGGTTTTAGAAAAGCGGGATTGACC AACGGCTTCATCTGCCAAACAATGAGCTAATGCTTTTCGTTAAGTCA TTTTCAATATCTTTATGTTTATCTTTATATACTAAGAACTCTTCC	CCCG	S	17,32	164	TACTGCACACGTCGG ATAGC	59,9	GTCATTGTTGGCA GATGA	59,8	55	45	
752	BrPe4274	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 7865	4	334	353	20	5	16	AAAGGAAAAGGCAAATTATCGAAGAAAAATAGGGTGGAAAGGAG CCGTTGCGGTTAGTAATGGCATTGTAATGTGTAATAGCTTGGTTTT ACGTTAACTGAGAGAGAGATTGGTGTGGAGTTAGGGGATTCATT TTTTGAAGCTAAGAAGGAAGGAAGGAAGGAAGAGCAAGTATTAC CCATCACCATAAGAAAAGGAGCAGTAATCATATGCTATTGTTAAGA GAGTTTGCTTATCTTTCACAACTATAACAACCCTCCTTGGGTTGTAT CGTCCCAATCAAAAATCCAACGTACACAAAAGCATCAATACT	GAAG	G	19,32	184	GTGTGGAGGTTAGGG GGATT	60,1	TGGATTTTGATTGG GGAAC	59,6	55	40	
753	BrPe4275	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 7893	4	2861	2876	16	4	12	AAAATCTACTGCTAACATGAGAATAACAAGCCATAAACTCGCAA ATCCTGGACTTCAGCTACCTGCAGGTAATTTGCCATCTACCATTA TACATATAAGAGAATGCCTGGCCGATCATAAATCAATAGAAAAGTTG CCAAGTATGCCATTTATTTATTTATTTGAAAACACTGCTTAGTCTT TCAACAAAAAGACCAAGCTGCCTTTCTACACATACAGTCATAGTTA GAATAATACAACATAGCTTCAATTCTATTAGACAATCAGTGTGCAGC TGTACTACTTTCCTTTCACAAGAGAACAATAATTA	ATTT	S	16,89	163	CCTGGACTTCAGCCT ACCTG	59,9	AAGGCAGTTGGTC TTTTTG	59,5	60	45	
754	BrPe4276	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 7983	4	493	504	12	3	8	GGTATCCGCAAAGCTTAGCTGTATGAGTTTACTGTTGCACATCCA GAGTGGTACTGGAAAAATCAGGAGCTTTGGTAAAGCTTCTAGCTA AATATTCAATGGCCAATACGAAGAGTAGAGGGACACAGGGTCCCC CTGTCTCAACCCCTTCCCTTGGAAAAACCTTCCATGCTTCCATT CAACATCAAGGTAAGGTGTAGTTCGGACACAAGTCATTGTCCAC TGTATGAACCTGCGAGGGAAGCCAAGGCAACAAAACTTCTTCTA AGAAATCCCATTTAATAGAAATCATATGCCTTCC	CCTT	G	25,63	159	TGTTGCACATCCAG AGTGG	60,7	TGTTGAATGGAAGC ATGGAA	60	50	40	
755	BrPe4277	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 8058	4	509	520	12	3	8	TGACTGCCTCGACAAAACATGTAATACTGTTTCGAGAACCAATCA AATCAAAATCGAATTGTCTGCACTGGACAGAACCAACCAATTTG TAGGTCTAGCTTAGGCAAAGGCCACATCAGTTTTGGCTGTTATGAA CAAAGAGCGGTGATTGATTGATCGATTAGAGTATTCTGTTCTCGA AGCAACTGGCTTACCATTTTATGAATTGAATCACTTGCAGCTTTT CTTTCAAGAAAATAAATTTGTGTCTTTGAAGAAAATAACAAACGAA GTTTACAGAATCCAGTCTGCGATTGACACTG	TGAT	S	15,27	105	TAGGCAAAGGCCACA TCAGT	60,7	AAAATGGTAGAAGC CAGTTGC	58,4	50	42,9	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
756	BrPe4278	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 8231	4	692	703	12	3	8	TCGTGCTCCTCCCATGGAAATCCAGCATGCGGAAAGTTGAAAATTAT CCGATCAAATTTTTATACCCAAGGCCGAGTGGAAACATTTTGGTTG CATCCACTCCATGTATTATGACAGCTCCCACTCCTCAGAATTTCC AAATTAACCTTGTCTGCTGTATTTTTTAATCAGCTCATCTGATTGA TCGATAGCATTACATAAAAAGGAAAGACCAAAAGATGGTAACTTCAG AAAATAAAGTACTAAATCATCCATTTACAGAGATTCGCCTCAAAAA GAAAGATTACATGTAGAAAAAAAACATACA	CTTG	S	15,57	210	CCGAGTGGAAACATT TGGTT	59,8	TCTTTTTGAGGCGA ATCTCTG	59,6	45	42,9	
757	BrPe4279	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 8300	4	672	683	12	3	8	TGAAAGGATTTGTGACATTACAAGATAACAATCTGTCTGGTTTA AGGATACTACAAGCAAACAGAAAGTTCAACAAAACCATTTACAGCA ATCACATAGGAAAAGAAGCATGAAAGTTCGGTGTGTAAGTATTTA ATCTCTCGAACATAAATAAAGATGCAGCTAATAAAGCACT GATTTAATAGGAGAATTAACCAATAACTAATCAGTAATGCACTCA AAAAAAAATAAATATTCCTGAATAATCAATTTGTAATAGCACAA GTAGAGTATCAGAATGTTGTAATAAATCTCGTCT	ATAA	S	16,6	169	TTCAACAAAACCATT TACAGCAA	59,6	TTTTGTTTTGAGTG CATTACTGA	58,9	30,4	29,2	
758	BrPe4280	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 8439	4	3371	3382	12	3	8	TCTTAAGTCTAGTTTGCTAAAAAGAATCTGGATAATGGTCGAGTT CCGGTACATCAGAACAAAGCAGTAAAGTTTGTCTTGCCTCTTCTTTT CTTTTTGCTTTTAAAAATTTGCTCTTTTAAATTTCTTCCATGATAGGAT CAATAATTAGATAGATAGAGGTTCTTTTCCTAACATTGGTGATGGAT AAGTTGCCAACTGACTGTGCAGCCATGCTCAGTTTACATTGTATTTG TCATTGATTTTGTGGATAATTTCACTCTATCTGACATCCAAAGTCAT GGCAGGAAGGCATGGTTGAATTTATTGG	TAGA	S	19,06	193	TGCTCTTTTAATTTCTT CTCCATGA	59,4	AATTCAACCATGCC TTCCCTG	59,9	33,3	45	
759	BrPe4281	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 8569	4	1235	1246	12	3	8	TACTGTTGAAGTCAAGAAGGGACTCTGTGGTGGCATGCTCATAGC TCATGGCTTAGAGCCACCGTTTACGGTGTCTTTGATATCCATCCAAA GGAAGGATCCTCGTACCCTTTTGTATACCGCATAGAGAAACGCCT ATACTTCTTGTAATTAATTAATGATGATCAGTACCTTTCCAGAATT AATCACTTCTGGTAATTAATTAATGACATTTCAATGACTTTGGTTATT GATCAGGAGAATGGTGGGATGCGAAACCTGTGGATGTCTTGAAGGA AGCTATTAGAACAGGAGCTGCTCCAAACATAT	TAAT	S	29,87	174	CTGTGGTGGCATGCT CATAG	60,3	CCAAGAAGTGATTA ATTCTGGAAA	58,7	55	33,3	
760	BrPe4282	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_5 8763	4	155	166	12	3	8	GTAGTTTTCCGGGACAAGCGATCCTGTAAATAGATGATACTGGGTT TGAGGTTTTCTCCGAGCAGCATATTTCCGGGATAAGCTTTTTCGAG GATATTCGTATTTCGGATTGTACCCGATGTGTGGACTCTGATTCTA GATCTGAGATTGATTGATTCGGTTAGTTTTGTGGCAGGTCAT CGTGTGTGGTCTCTGTTCCCTTTGATCTTTGAGTGTGGCAGCATT GCCTTCGTCTGAGGTTTGTGAGCATGTTGCACTACTTCTATATA TCATGGCTTACACACGAGTCTGCTGGT	GATT	G	507,71	155	TTTGTACCCGATGTTG TGGA	59,8	CATGCTCAAGCAAA CCTCAA	60	45	45	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
761	BrPe4283	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 8838	4	349	364	16	4	12	AAGGGGACGGGTAGAAGCAGAACAGTGAGCGTTGAAGTGGATGT TATAATTTATAGCTAAACCCCTAAAGCGAGGCCAACACAGCGGT CGGATTTACAATGGACGGCTCAGTTCACCGCTTCTATTTATGGTATT CTTTAGTGGAGGTTTATTTATTTATTTAAAAGTTATCTATTTATGCTG AATTGTAAGACGACGAGATAGGAGAATATTTTTGTAAAAATATAG AGAAATTTAATGTACCTGTTATTAGTGAGCAAACAACATTTAATATG GTAGAAAAATGAGGATTAACACTAGAATCCTAGAAG	TTTA	S	15,26	176	GAGCGTTGAAGGTGG ATGTT	60,1	TCGTCGCTTACAAT TCAGCA	59,5	50	42,9	
762	BrPe4284	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 8962	4	487	498	12	3	8	AGAATTCATTACCAGTCACATATTTTTGGAACCTTGTTCCTTCCAA AGGGGATACCGAATAGGAAGCACCGTCACCTCCACGTGACATTTGAAG TAATGAAAGGCCCTCCACTTGCATGTGCCCTGTATAATACAAGAA CCCCATCAGTGTACGTACGTACAACCTTGATTGAATAGTCTCAGAAA AGTTATAAATAATTATCCAAATCTAAGCCATCATTCCGAATATCTGT TAAATTCAGATTAAGAATATGGTGGTCCACTGTTTTTACTGTTGG ACTCTGCTATTTGCTACTCCCTAAACCAGA	GTAC	S	32,48	177	GGGATACCGAATAG GAAGC	59,8	CGGAATGATGGCTT AGATTG	59,6	55	42,9	
763	BrPe4285	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 9244	4	959	974	16	4	12	TTTCATGCTTCTTTCACCTACAGTAACATCAAACTTTTCAGAGCT TCTACCTAAGTCTCTAACTAGCCTCTGTGCTCTATGTTTCAGGAAAT GTTTTCCATCAAAATTCGATTCGATTTCTGAGCAGAAATCCCAAATTT ATATTTGTTTTATTTATTTACTGTGTCGATGGAGATGTATCCGC ACTCTGGAGTGCCTTCGATTGTCCCTTAGATGTGTTTATGCACCCG CACTGCATGCAAATCAGAATTGTACTGGAATTTAATAGTGGCCTGT ACATATTCCTCGACAAGATGTTGGAGTTTGA	TTTA	S	17,92	224	TCAGGAAATGTTTT CATCAAA	59,4	TCCAAACATCTTGT CGAGGA	59,2	31,8	45	
764	BrPe4286	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 9261	4	798	809	12	3	8	TCCTTCTGCTTGCAGAGTTAATGGGCGTGCAATAAAAACTTAGGC TAGAAGCAAGCAGTCATTCAAGGAGCACAAGTAGAAATTCAAA GTGATTCAATTGCAGGGAGAATTGATACTGGAGCCAAGTTGAGAAA TTTTCAAGCTGTAGAAAGAAAGAAATGCGACTGTTGCAAGAGATAGG CAAAAGGAATTGACTGATCTTGTTCACGTAGAGCTAATGGACACA CAGGAAAATGCCGAGTCTGAAAGTTGTTGTCGAAAAGGTCCCAA TGGTGCTAATCCACTTTTGTCTGGATAGAGACTACGA	AGAA	G	13,71	218	GCAGTCATTCAAGGA GCACA	60,0	GGGACCTTTTCGAC AACAAA	59,9	50	45	
765	BrPe4287	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 9380	4	457	468	12	3	8	ATTTTTTACTGATAGAAGCCATCCGACTTATTGTGATTGTAATAC AAACCGATCGATTACACTTTTGAGGTTGCAAAATTTATCTTCTTCA TCCATTTAAACCACTCTTCCCTCTGATACCTAGACATACCTCTG GCATCTGAGGCCAGCCAGCCACGACCAAAAAGCCAAGTGGAGCACT TCCTTTGCCTTTTGTTTTATTTGTGCACTTGAAGGAAAATAAGA AAAGAGAGGTGGTGAAGGAGGAAAGAAAGAGAGAAAAGCTTGAGG GAGAGTGAGCTGATTATGTTGAGGGCTGAGAG	GCCA	G	41,82	189	ACCCACTCTTCCCTCC TGAT	59,9	CAGCTACTCTCCCT CAAGC	60,3	55	60	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
766	BrPe4288	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_5 9445	4	2936	2947	12	3	8	TTTACGCTCCCAAGTCACCAATTTGTCAAATCTACACTCACACTGT AAACGGCATCAGAACTCAAAATACCCATCCGAGAACAGCAGCAAT TTGAAACATTAGCGCTTCAAAACTCAAGTGAATTCAGTACAGGCA AACAAAACGCACTTGCTTGCTTGCTATGAGTTTTATGTTATGA ATGCCAAAAGCGTCAGGAAGGTCCGGCTAAATGAATAGGAACAAG AAGAGACACAAAACCATAACAAGAAAAAGAAAGAGCAAATGAAT GTAACAAAGATAAACACTAACAGCAAAGAAATAAC	CTTG	S	19,19	197	TACGCTCCCAAGTCA CCAAT	60,5	ACGCTTTGGGCATT CATAAC	60	50	45	
767	BrPe4289	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 0263	4	529	540	12	3	8	AAAAAATAAGGTGCTCAAAATAGCTCAAAATCAAGAAATTTGA AACAAAAAATGCTCATCGGTACTGGAAATCTGACGAGAAAAGTAGC AAGCTCAGTATGTAAAGAATGATGATGTTGAGAAGGTTCCAATGTG ATAAGAATTGCCTTGATTGATTGAGTGGAGGGAATTATGAGTGT TTTGTGTTTAGGGCTCAAAGGGATAAAGAGATAAAGGAGACAGAAA GAGAGAGGAAGCTTGGGAAGAATAGTCAACAAAATAAAAAATTTGA AATTTATGAAAAAAGCTAAACAAAGCCTAGTAAGT	TTGA	S	28,91	101	GGTCCAATGTGATA AGAATTGC	59,7	TGTCTCCTTATCTCT TTATCCCTT	58	39,1	36	
768	BrPe4290	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 0400	4	3333	3344	12	3	8	GCATAGTGTCACAACTTCCAAACATGTAAGAAGTAATTCCTTCTGA CTTAGCACAGTGGAAAAGCTCCGCTATAAATGAAGCAAGGCACTC AAATTACAAGAAGCTAAGTTAACAGTCAGTCATCTCAATCCATGGG CCAAAGACCAAGCATGCATGCTTCTCAACTGATATTTTTCATTT CACATGATGCCTAAAATAACTAAACAACCTGACTAATCTTTTAGAT GTAACACATTTTCATCCAAAAATATGAAAAGAAATTAACATCAAC AACAAAATTTGTAATAGACAAAGAATGACTTTT	GCAT	S	17,46	128	CAATCCATGGGCCAA AGAC	61,3	TTTTGGGATGAAA ATGTGTT	57	52,6	28,6	
769	BrPe4291	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 0616	4	4340	4351	12	3	8	ATAGTAAAACTCAATTGCTTACATGTTAAAATTTCAATTTTGCTGG CTGGTACTCCATCATGATGTGCTATCTATTTGCTTCATAGGATAA GCTTCTAGATCTGTTAGAAAGGACAAGAGGAATTGAACAGGAAATA AGGGAAATGATTGCTTGGCTGCGCCAGCCATGGAAATGACAACATA GTAATCAGAATCCTAAAGTGAGAGCAGTGCCAAAAATCCCTGAATA TGAGCACAAATACTTCCATGTCCTGCTTATGTACAAGCAGACTCAA TGAGCATGACCAAAATCAGGAAACTGAGCTTC	TTGC	G	17,19	191	CCAATTTTGCTGGCTG GTAT	60,0	GGATTTTGGCACT GCTCTC	59,8	45	50	
770	BrPe4292	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 0667	4	261	272	12	3	8	GTACAACCGGTGAGTGAGCGTGTGAGCTCATTATGCCTTTTTCTC CTCCTCTATCTGTTCCATCCTTTTTGTGCCACTGTACACATCCCTA GGGAGTATTCCTAGTACCCCATGACCAGAAATCACATTCATACCT TTTTAAAGCTTCTTCCATCGAGAGAAAAACCAATGGTGAATG TGTTCTTGAATTGGAGAGTGAACCTTTGCTTCTGGTGATTACCTTG TGGTCCAGGTGAGTTGTTGGTGTATGGCCAGAAAAGAGG GAGGAGGTGCCCATGCATGTTTCTCTA	CTTC	G	172,22	150	TTCTAGTACCCCC ATGAC	59,8	AACTCACCTGGACC ACAAGG	60	55	55	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
771	BrPe4293	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 0952	4	175	186	12	3	8	ACTCCAAACTCATTAGAAGCCTTACCTCAAACACCAACAACTCCA GGAATCAAGAAAGCCAAGGTTAGGGCACAATGCTCTCAATTCTCC AAAGTGAAGAAAGAAATGGAAATGAAGGGAAAAATGAGCAAAGTGG GGAGGAAAGTGTCTGGCTGGCTGGCCATAACCCAGGAGAAAAAGTTC CAGGTGTCAAGCCAGCATAAGGAAGCAGAAAGCAAGTTGAAAAA TTCAGCCATGCATTTATTAAGCTTCGACCGGTCGAA	TGGC	G	96,42	173	AGGGCACAAATGCTC TCAAT	59,7	TGCATGGCTGAATT TTTCAA	60,2	45	35	
772	BrPe4294	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 1839	4	1127	1138	12	3	8	CACCAAAGAACACGTGGCAAATCTCTTTTTGGCATCCAGTAGGTA GCTAGCTATCATCAATAATTATACAACTCTCATACATAATTTCTG TCATTTCTTCTACCTTTGACCTGATCTCTAATCCTTACAGCTTCA CGGATGGATGAAGGAAGGAAAGCTTGTACGGAAATCCCTGCCTTC ACTGAAGTCTTCAGTCGCAAAATCATCCAACAGACCAATGGAAATTA ATGCTTTCAACCTCTTGACGCCACAAAAAAGGCAACCCCATTTTT TTGGGATTCAAACGTTGCGCTGTCGCTTTGAT	GAAG	G	15,71	150	CCTTTGACCTGATCTC TAATCCTT	59,2	GTGGCGTCAAGAGG TTGAA	59,8	41,7	52,6	
773	BrPe4295	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 1947	4	4109	4120	12	3	8	ATACAATAAAGAAGTTGATCATGGTCGTGAGTTTATGACCCTTGTT GGTTCATTAATGTAGGAGTCAAAGTTAGATTAGTGGTAGGTTTCATT TATGTGGAGATGGATGTTTCTAACAATTTGTTGGTCCAATTTTGTTC TTCCACACAAAAATAAATAAATGAATAAAAAACTTGTATAATCGAT GATATCATATGATGTAATAATTTAATTCCTCTTACCTACAGCACT CCACCGCTGGACTCCATTCTATATATTTTATTTTCGTTCTGATGTTTG TACTTTATAAGTGTATTGTACTTAGGAC	AAAT	S	16,48	225	TGATCATGGTCGTGC AGTTT	60,1	CGTGGAGTGTCTGT AGGTAAG	59,8	45	57,1	
774	BrPe4296	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 2552	4	5738	5749	12	3	8	TGGTAAGCAGACCAGCATGGATGAAGAGTTTTTCTGCTCTCTC TAAACCTCCTCTCTGCTACAGACATCCAGTACAGAGCTTGTCTCT GATATGGCTTAGTTTCAAGTGTGTTTCAATGGATGGCTCCATCTGC TGATGATCAAGAAAGAAAGATCAGCAAAGACAATATAATCGTATA TTCCTGGCATTGAAATGTAACAGAAAAAGAGAAAAAGAAATTTA AAAGAAAAAACTGAACTTCTTGACAAAGTGAGTTAACGATGATT GTCCAATCCAGGCTATGTAAGGCTCACATAT	AAGA	S	19,64	195	CAGACCAGCATGGAT GAAGA	59,8	TCTGAATGCCAGGA ATATACGA	59,6	50	40,9	
775	BrPe4297	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 2636	4	1002	1013	12	3	8	TAAGATCTCCGAAACATTCCTATTACGAGCCTACGCTCGAAACGC TAATCTCGCTCTCACACGGCACTTAGTGGCCCTCAAACCTCAAAAA CCTAAGATCTCGGAAAATTGCCAACTGACCCCTGAAACCTCCGATC ACCATAAACACATGCATGACTCGAAAAATAATGAAACGACTC AACACATGCAAGAAGCTCGAAATAAAGCATAACCCAACCTCCCTCGGC TTGAAAGCTCTAGACTAACATCGACACCTAAGATGACCAACTAGGG ATACCGAACTAAACCTCTATGTCCAAACATGGTC	CATG	S	17,15	167	CGAAACGCTAATCTC GCTCT	59,8	TTCGAGTCTTGCAT GTGTGTG	59,9	50	42,9	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
776	BrPe4298	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 2931	4	1442	1453	12	3	8	CCTGTTATATCCCTACGAGGAAAAACAAATCTTCTGTGGACTTTTT GCCTCATAGAAAAGATGCAACAGAGAAAGGCAAAAGATGTGCCCGT GACAAAGATTGAGCAGCATAAAAAGGAAAACACATGGCCAGGAGTC AAAAGAGGAGAAAAAGAAAGAAAGGTATGGATATCTGTCTGTG CCATTGTCTCCTTTTGTCTTGTATCTTAATCTGCAATTCGTTTACTC TTGGGGTCATGTTTTCTGGATCGATTAAGATGAAAAAATCTTTT ACTGACAGCAGCTGTCATATTGTAATCTCCCGTC	AAAG	G	14,15	160	ATGTGCCCGTGACAA AGATT	60,4	CATGACCCCAAGAG TAAACGA	60	45	47,6	
777	BrPe4299	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 3256	4	1103	1114	12	3	8	ATATTTACTACCTTAATAGTTAAGTAGCCAAGTTTTTTAAGCATT TTTTTCTATTCTCATATAGCCCATACAGATATTGGAATAATTTTTTA ATCTCTTTTCGCCACTGTAATTATGAAAAATGAACATTGAAATGTACC TCAGAATTAATAAATAAACCAAAAACATATAAAATGCAGTTAATC CTATTGTCCACATGTTAAATCAAATATGTTAGAAATACCACCAACGA GCCTTGGTTCAATAGGTACCTCCTCAGGTTTTAAGATTGGGGTGT GGAGAAGTCCTGAGTTCGAATTGACTTTA	TAAA	S	15,1	152	TTTTTAATCTCTTTTC GCCACTG	59,8	CAAGCTCGTTGGT GGTATT	60	34,8	50	
778	BrPe4300	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 3395	4	3132	3143	12	3	8	AGTTTCAAAAATTGATCTCAAAATGAAACAGGGCCAAAACCTTAGG AAACACAGGAGGGATAACCATTGCACACAAAATAAAAATCTCAAAT GAAAAAATAAACCATAAAATTAATTTTACCAACCATATACAA AGTTCCAAAAAGAATGAATGAATCGGCATGGTGAACAAATGAA CTCAGGCAACTTTGACATATGAAACAAACATTTTCAGCCAACTGGT AACTAAAAGAGTTTAAAAAATTAGAGAAAAGAGATGGCCAACAATC AAGCTAGTAAAAACTCAGGATGAAAGGAGTGAAGAT	GAAT	S	19,1	155	CCAACCATATACAAA GTCCAAAA	59,2	GCTTGATTGTTGGCC ATCTC	60,6	33,3	50	
779	BrPe4301	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 3733	4	1086	1097	12	3	8	AACAGGTCTTGAGTTCCATTAAATTCGGATGTGCCAAGTGTGGCGG TCTGAATTGAGTAGATGGCGCGGAGCTGTAAAGGCATAAAGTCAAT CTAGTTGAAGAATTCCAATTAGACCGGCAACTCCCGCAGCTGCAG ATTGGGCACTCGAAGGAAGGAAGAGATCATGTTTCTGTCTTATA GGCGTCCAAACCTACAAAATGGAAGAAACATTCGTCCCTTCTTAA AAAATCTCCATGGAAATGCTCAGCATACAGAAACTACGGTTGCATA AAATGAACCAACTACATCTATTATTGTCAAAATCT	GAAG	G	18,14	182	AAATTCGGATGTGCC AAGTG	60,9	TGTAGGTTTGGAGC GCCTAT	59,7	45	50	
780	BrPe4302	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 3733	4	2968	2979	12	3	8	AAGATTGTTGAGCTTACTTCAAGAAACTTTGTCGTTCTATAAAA GTTCTATTGATTCGAAGATCTATAACCCTAAAATTTTTATTTTTAC TCTAGCTTCAATATTCATTGAATTTAGGCTATTGTTTCTGATGATT AATTGAATCTTTCTTTCTAGTCTATGTCATGTTGTCAGATCAAAAAC AGGAAAAAGCTTTTCAAATGAATGACACCTGCAAGCTTTGTATA CCCAATGGAACATGAAACATGATATTGGTTAATTAATTAATGTTTC TAGACAGGAAAAAGAAGAAGAAAGAAA	TTCT	S	18,14	214	TTCACAAGAACTTT GTCGTTCT	58,1	CAAAGCTTGAGGT GTCAAT	58,9	34,8	45	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
781	BrPe4303	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 4349	4	368	379	12	3	8	GTCTTTGAAGAATCATCAATCTGATTATCTTCGTGTGCCGGTCT TTGATTCCTATGCGGGTTTGGAGTCTGATTCCATAGCTTCGGTGAA GCTACGGATCCAGACGTCTGAAGGGTTCGTGGTGAAGAAACAAAAG CTTGTTTTGGAGGGAGGGAGTTGGCAAGGAATGATTTCGCTTGTTAA GGACTATGGTGTGATAACGGAAATGTTTTACATTTGGTCTTAAGC TCTCCGATCTTGGTGATTAACGCGAGGACCACTTGTGGGAAGGA ATTTGAGTTAAGGTGGACAGATATAGGAAT	GGAG	G	11,86	238	GTGTTGCCGGTCTTT GATT	60,0	CAAGTGGTCCTCGC GTTAAT	60,1	45	50	
782	BrPe4304	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 4351	4	1451	1462	12	3	8	TGCTTCTGTCATGGCAGGATCAAGCAATCTTCGTTGCAGTGGAA AGAGAGGAGTGGAAATTTGATACTCTCTGTGACCTTTATGATACACT TACCATCACCCAAAGCTGTTATTTCTGCAACACAAAGCGGAAGGTA ATGCTTAACTGTGTTGTTGGATTAGATGTATAAATTTGTTATTTT CTTGCTTAATTTCTGCCATGCGACTGAATTTTATTGATTTTACCAT TTCTCTAATATCTGTACTTGGAAATGACACGAAGTGTGTTCTTTCTAA ATTGAAATATTGAGGTGGCTTCTAAAT	TTGT	G	19,19	211	TCGTGCATGGCAGGG TATCA	60,1	CAGTCGCATGGCAG AAATTA	59,8	50	45	
783	BrPe4305	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 4985	4	879	890	12	3	8	GGCTTTCACCTCTTTGTCAGTGCACAGATTTTGCCAATGGAGGATT AGGATTGGGTATTTGCACGTGAGAATGTGGAGATGAACCACTATTC AATATCGACTCCATAACCAGATTTCTGCTTCATACTGTATAGGAAT ATTTCTTGTCAGTCAGTCAGTTAATATGACATGATGAAACCTGCCA TAAGTTAGATATGTGTGTTGATGGAAATTTGGCGAGGTAAGTTTGT CTTCATTTGGGCCTGATTCCATTGGTTCACCTCTGTTCTTTCACAAA ACTGGGAATGTAACGCAGGCTTCTTGTTT	CAGT	S	12,95	198	CCATAACCAGATTCT TGCTTCA	59,2	CCTGCGTTCATTCC CAGTT	60	40,9	50	
784	BrPe4306	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 5781	4	2799	2810	12	3	8	TTTCGAAACAAGGCAAGAGATTAGTTATGGATATTCGATATTTCTAT ATTATAAGAAAATTAAGGTTAATATTGAAACACACTCCAGCTTAG GAATTTGGATGATAAAATGTTCAATTTAAGAAAATTTAATTGAAAT CCGAAAAGAAATTTATTTTGTTCATCTGGACATGCCATAAC AACAAATCTGAGCAAGAGAGAATACTTGAATACAAAATCTAGCAGT GTAATAAACATAAACTCCAACCATACATGACCCTTCTGTTTCTA CCATAAAACATCTTGGTATGAAGTGTCCGC	ATTT	S	15,06	241	TGGAAACACACTCCC AGCTT	60,7	GCCGACACTTCATA CCAAAGA	60,1	50	47,6	
785	BrPe4307	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 6012	4	183	194	12	3	8	CCTCGAATTCAAAATTACACTACTCCCTTTCCTTCTCTCTCTCTAA ACTCCAAAGTAATCCGGATCTCTGCTTAAACAAACATTACCGAAA GAATCCCATCTGCCAAGTCAGTAGTCACCTGTAATAGCGAAAAG ATTTCTGGCTCGATCGATCGAATCCAATATCCACTAATGGACAGCT CGGATCCGCTACGCATCTGTCCCGCCACCACTCCGCTGGCTCCT GTATCCTCTACTTCTTCTCTCTCTATGCGGTTTGTGTATAGGCTC TTAAATATGTGTTTTGTTGTTGTTTTG	TCGA	S	17,87	178	TCCGGATCTCTGCCTT AAAA	59,8	ATACAGGAGCCAGC GGAAT	59,7	45	52,6	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
786	BrPe4308	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 6123	4	838	849	12	3	8	CTGTTACAGCAGCATGGCTTCAATTTTACGTATCAGTTGGAGAGTGGC AAAGGGGGTGATCTACCCAGCTCTGGCCAGGTCTCTTGATTCCTTT TACCTTTGATTCTAAATGGAACAAGTGAATTATGCACTAGTAGTTGC GTTCTTTTATTGTTGTTTGAATGCCGGGAGCTCTTATTTGGTGC TGCTGCAGTTTTTTCAAACCTAGTAATAAAACAGTGGTACTTCACGT TTTTTAATAATTTGTAATTTCTTGATCAAGAACTTCAGGACTTGT TCTGATTGCTTTCTAGTGGACCACCATA	TTTG	S	15,68	177	AGCAGCATGGCTTCA ATTTT	59,9	AAATAAGAGCTCCC GGCATT	60,1	40	45	
787	BrPe4309	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 6492	4	456	475	20	5	16	TAAAGCGTTTGATCGAAGGTATTATATTCGCCCTTCGATCTTCTGAC AACTCTATTACATGGCCATGTAAACAACCAACAATCATTGTGTTGGG TCTTCTTGCAATGAGCAGGTACAATCTCACGGTCTTTGGTCTGAT GCAATGCTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTAATCCGTAGTCATAATA CAGTATAATTCAAGCATCTCACCAATGAACTTCGAGACTTTTTC ACTGTTTAAAGAGATACTCAGTTAACACGGGTCCAGATCTAATTTA CGCGGGCCAGGGGATCGAGATGCCACCTCAAGGTA	TCTT	G	17,16	177	TCTTTGGTCCTGATGC AATG	59,6	TTAGATCTGGACCG CGTGTT	60,7	45	50	
788	BrPe4310	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 6537	4	1473	1488	16	4	12	TGTTGTTTAAACCATTAACATTGATATCAGTTTCAGGTGGAGCATGCCG AACTACTTTTGTGATTCGCCAAGGAGAGACAAGACGGCAGAGGT TGCACTACGGAAGTTAGATGCTGAAATTCGACATGTGAACCAATAT GTATGCTGAGATTTATTTATTTTCAAGTTGGGATACTTTTTC CTCAGTACCGGGGTAAGCTTTATACTACCCATTTAGAAACCTA AGCAAAAAAAGTGTTCATCTGGGAGATTTATAGTTGAGGTATT GCTCGCAGGCATGCCAATGGAGGAGGATGTGCAAC	ATTT	S	17,57	219	AGGAGAGACAAGAC GGCAGA	60,1	CCTGCGAGCAATAC CTCAAC	60,8	55	55	
789	BrPe4311	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 6652	4	268	279	12	3	8	AAAGCATTCTGACCTCCAGAACACTCGTAAACACAACCCTCATA CTAAAGGTACGAAAACCAACAAGACAACAATCCACCCTAAAAA ACATCTCCAAATAGTCAGGGTTCGGGAATTACGCTCTCTATCCGAAC CTCTGAATCACCATGTATGTATGTGCACGCACGACTTAAAACTGAA AATACGAGACTCAGCACATGCAATGTATGATCATGAATATGACTCG ACAAAACTTAAACATGCGATGCAAGGGTTTATTTCATCAAACCTCG AACCAGGTCCTCGACCAGGTTCAACTCGGGAGCAG	ATGT	S	64,4	186	CTCGTGAACACAAC CCTCA	59,7	ATTGCATGTGCTGA GTCTCG	60	50	50	
790	BrPe4312	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 6761	4	156	167	12	3	8	GGTTAGAGATGTTTTGAGAGTGTTCATGCCTTCGAGTACGAGGG ATGGTCGTATGGAAGTTTCGGAGGTGCAAGCGTGTTCGGA ATTTTCAAAGATGCAAGCCGACCAGTCGAAACACCGCTTCAACCA CCTCTGCTTTTTCTTTCTTCCAGCTCACCACCCTTCCCTGCCAC CTGGACATCATCTGGAAGGTAAGTTGGACTCCTTTCCATGTCCCAA AGCCACCAG	TTTC	S	53,72	182	TCATGGAAGTTTCGG AGGTC	60,0	TTTGGACATGGAA AAGGAG	59,9	50	45	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
791	BrPe4313	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 6945	4	936	947	12	3	8	CTATGTAGTTCGGTAGCAAAGAACTCAACACACITTAATGCTTGT ACAGTTTTAGAAGACATCCTTCCTTTCATCCGAGCTTCATGACTTCTT ATCTTCTGGCTAATTACGATTCTTACATTCTCCATGGTCTTGGGA GCTGCAAAAAGAAAGAAAGCAGAGGCTCTAAAATCATTTCAAGAA GATGTACCGTTGAACATGAAAATAAGGCAAATTCATTCCAACATT CCCAGATATAAGTAGAGATGTTGAAGACATGCGAGTTCAGGAAAC GAGAAGATTCAGGTGTTATCTTTGCAAA	AAAG	S	16,48	211	TCCTTCATCCGAGCT TCAT	59,8	CCTGAATCGCATG TCTTCA	60	45	50	
792	BrPe4314	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 7127	4	3615	3626	12	3	8	TGGGTGTAAGAACAAGTTGCAGTGGCTTGCTATACACTACAAA GACCTAGGGCTCATTCCTGCAGAAAGACCGCTCTTGATGATGAGG GAAACTCTGCGTAAGTGAATTGTAGACCAACATAGCCATTTCTG GCTTGAGATCGGCCACCCACCCATATTGGCATTCCAAGATATATA GGGATTAGCTTTGCACTACTATACATACCCCTTACACACACGTATA TATAGCCCGCAGAAATAAGTTGTCAGCACATACGCTTCGTACACTA CACATGCATGGTACAGATAAGAAGGTAGCTGAA	CCCA	S	15,39	191	AGTTGCAGTGGCTTG CCTAT	59,9	AGTAGACTGCAAAAG CTAATCCCTA	57,9	50	41,7	
793	BrPe4315	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 7330	4	2497	2508	12	3	8	GGGAGAAGTCCAATCTGTGGTGGCTCCAATTTGATGTAGTTGGCTTT TTTGGGATCTTGGTATTGCACCCCTAGAAAAGAAATTACAAGTTATGC CGTAAATGGCACGGAATTTAATAAAAAAACTGCATGTCTTCTG TGTTTCAGTACGTACGTACGGGTAGGAGAGATTACGGAGAGGT GGCTGCTGTGATTTGCGTTGTTTATTCGTATCCGCATGAATAAAGC TTCAATATTTGTATAGAATAATTTAGCACTATACATATCAATCGAT TTTATATCAATTATATAATACCGAATGCTCT	TACG	S	20,73	189	GGGAGAAGTCCAATC TGTTG	59,5	CCACCTCTCGCTGA ATCTCT	59,6	55	55	
794	BrPe4316	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 7794	4	1026	1037	12	3	8	CAAAATATTTGCATGCCTAAGATCTTTGCACCTACAATACATAGTAA TCAATGCATTTCTTACATTATCAATTCATAAAAAACAGCTCAGGATT GTAGAACCATGAATATCAGCTCCTAATTAAGAGTACCAATATGGA AACATGTACCCAAACAAACAAATATTGCTACCGTATCCAAATAAAT GCCACATCTTCTATTGAGAAAGCAACTCAAGCACCCCTTTGAAAT TGTCGGTCTCAAGCACCTCCTTATAGTATTCCAAGTCAAAATA TTGGCTTCAACACCCTCTGTCTCATTTTTTC	CAAA	S	33,75	218	TGCCTAAGATCTTTGC ACCT	57,6	TTCAAAGGGGTGCT TGAGTT	59,7	45	45	
795	BrPe4317	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 8112	4	990	1001	12	3	8	CTTTCCTTCGAGAGTGGAGTGTAAATCCAAGAATTCAAGACAAAG GTGTCTTTTGTATTTATGTAAAAAAAACAAAATATGAGACTCCA GTAGAATAAGAACCCTGGTAAAGTTATGCGTTGTTGTAGGAATTT AACATAGACGGAAGAAAGAAATCACCTCTCAAACCTGTGGGACAT CCAACATCCTCGGACAAGATTGGCAAAGATAACAACAATCACATAC TAATTAACAGTCATTCAAACCATGATGCACCCATTTAATTAATAAAT AAAGTGTATTCCCGGTCAAATTATTATTTTT	GAAA	G	13,29	162	CCCTGGTAAAGTTAT GCGTTG	59,5	AAATGGGTGCATCA TGGTTT	60,1	47,6	40	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
796	BrPe4318	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 8898	4	1910	1921	12	3	8	CTATCACTGATAACATGGAGGAGAATATCGAGCTTGAAGAAATGTTGTAATTAGGGAGACGCCGAAAGGAACTGGAGCTTTGGTACAGTGGAAAGGCTTCTGTCAATTTGAAGCAACTTGGCAGCCCGTTGAAGAACTTGGACAGCAATTTCCATCCACCCTTGGAGACAAGGTCACCTTGAATGACAGGGAATGATAGGCCCCAGATTAAGTTTGTCTAGCGTAGAAGAGAGAAAAGGAGTAAATGTCTCTAGTTAATTACATGTCTCTGGACAAATAAAGGAATGTTTCTGACATGCCAGAT	TCCA	G	19,02	152	CGAAAGGAACTGGAGCTTTG	60,0	AATCTGGGGCCTATCATTCC	60,1	50	50	
797	BrPe4319	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 9045	4	3515	3530	16	4	12	ATTGATGTAATATATACCTTGTATTTTGTTCATCATAATAAGTTGTTATTTTTCTATGTGTTAATTTCCATACATGCCATGAGTATTCTATATAATTATGTATATAGCTTTTATATGATCTATGCAAATTATCTAACATGTAACATAATTAATTAATACTTTATGCAACTCAACATTTGATAAAACAATTATGCTTGAATACATAAATTGATCATATAATAAAATTTACATGCAAATTAATTAACATGTGTGTAGGTAGTTAGTGTGTCTTAACTTAATCCTGGTCTTAATATGATGG	TAAT	S	16,45	238	AATTTCCATACATGCATGAG	57,4	GGACCAGGATTAAGTTTAAAGCA	58,7	38,1	39,1	
798	BrPe4320	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 9215	4	609	620	12	3	8	GAGGATAGTTGTCAAAGCCTCAGAGAAAGAACAGATATGAAGATGATAAGAAGAGATAAAGAAAGTTGTCAAAGAAAAGCAATGGATGACATTCAAAGCAGAAGGAATCTCCACTTTTCTACAAAGGCATCAATAATTGTACTTTCTGTAAAGAAAAGAAAGGGTAAATGTAATAGATATAAAGGATCCGAGCTATAAAAGAGGCATGAAGCCTAGAATGTAATCGAACTCATTTTAGAAAATGAAAACCTTTGTTGATCAATCTTGAGATGTCTCATCTTTAGTTTCAATTACTTTAATATATCCAT	AAAG	G	20,58	155	TCAAAGAAAAGCAAATGATGA	59,7	CATTCTAGGCTTCATGCCICTT	59,9	31,8	45,5	
799	BrPe4321	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 9267	4	3281	3292	12	3	8	CGGGGAGAACAAAAGGAAGGAACAATACCCCATGTGGATTTTCATAAAATACTGGAAAGACATCGTTTCATACCATCAAAATCAATGATTCATCCTCGAATGGAGCATAGCAACTTTCGGATTCCAGCACCGGAACTAAACAATAAACAGAAATGAATGAATAGTCGACGTTACCAGTCACAAAGGGTGTTCATTTTTTATTGTTTTTCCGTTTGGAGAGTTTCATCTACCCGGATAAATGTTACAGGGACATGAAATCTCCAAGAAAACCGATCTCCGGCGATGCTGACTCCAGGTAGTTGGGAAAC	GAAT	S	15,8	187	GATTCCAGCACCGGAATCAA	60,1	CCAACCTACCTGGAATCAGC	59,7	50	60	
800	BrPe4322	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 9378	4	1871	1882	12	3	8	ATGAATCAAATTTGGATACCAATTAAGATTATAGCTAACATTTTATTGGTTCACTTTGCGACTTTTACCTCCTAGTAAGTTTGGTGATACATAACCACCATTCAGCAAAAGAGGGCATCTTGTAGTCCGCAATAATGTGATTATTAATTAATATCAGAACTGCATTTACTTCTGCGCAGCATTTCTGAGCCGACAGGAATTCGGTAAGACCTCGACGATATGCACCTAAACTTTTACTCTGCTTCATCAAGATAACAACGTCGATGTCGATACTTCAGATTAACACTCTTGCCATTTA	ATTA	S	15,72	181	TTTGCGACTTTTCACCCTCT	59,9	GGTGATATCGTCGAGGTCT	60,1	45	55	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
801	BrPe4323	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_7 0721	4	469	480	12	3	8	GAAAGAGAGGTACGATGAAAATCTTGGAGCAGATGAGGGTAGA ATTGGACTGATAGAAGTTGGAGGCTGATGATGGTCGCTTCTCGAG GGGTTTGAAGCATGAAATTTGCCTGGAAGAAGGCCATTCCATTGCA AGTCATCACCTACCTAGCTAGCTAGCTAGACCTGTGCCACCAATCTCAAAA CCTGTGGTGAAACTCTAGCTGGCATGCTATGCTTTTAGGCAGAAGAA AAGTGATAGAAGCCAGGAGTGGGCAGAGTTTAGTGTAGAAGAAGC AATGGAGAGACCCAATATCACACACCAGGAGAAAA	CTAG	S	18,14	233	AAGTTGGAGGCTGAT GATGG	60,1	TGGGTCTCTCCATT GCTTC	60,2	50	50	
802	BrPe4324	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_7 0812	4	1618	1629	12	3	8	AAGAAAAGCATCTTAAATACCAAAATCTCAATAACAAAACCTCCGTA AAAACCTTAGCAACAACGATTTTTTCTAGAAATGTAAAGAGCGTG AAGATGAGGGAGGCGCGTTAAAAGCTTAACGCGAAATGACACA GAGAAAATAGAAAAGAAAGAAAGTGGTAAATCCCCACGGAGAA AACGCCTACTTGAGAGTCTATAGAGACGGAAAAATTTAGCGAAAT TCGAAAAATAAAATTCATATGCTCCAACGCGCATCTTTCTGTCAA AAGTGGGTTTCCAGGAAAAAATATGAAAGCATT	AAAG	G	17,92	167	CGCGAAATGACACAG AGAAA	60,0	CCTGGAAACCCACT TTTGAC	59,4	45	50	
803	BrPe4325	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_7 2177	4	2923	2934	12	3	8	GGCAACAAAACCAACAGCTGAATCTTTTCAGTTAACAACTTCTA CGCCGATCAACATAAACATCCAAAACACAGCAACAAAGTTAAG AGTGAGCTAGTTAGGAAGAAGAAACACGTCCACACCAAAATGAT AAACATGCAAGAAACAAACAAACGGTAACAAATAACCCAGTTCA TTATGTTAACAGAAAACAACAATTCAGTAAACGGAGACTTACCAATT TATAAACGTGATTCTGATTAACAAAAAGCAACAGAAGATCAAGAAG AAGAAGAAGAAGAACGCTGACTAAGCCTGTGATATA	AAAC	S	18,22	150	CAACGTCCACACCAA ATTGA	60,4	TCTTCTGTTGCTTTT TGTTAATCAG	59,1	45	32	
804	BrPe4326	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_7 2619	4	5368	5379	12	3	8	AAATATGCAGGAGGTGGGGAGGCAAAATGACATCTCTAAATATTC CACTGATGAAAGAAGTCTTGTCTCAGTATCCATAAAGGACACGTTT ACACTGAAATTAACACTATTATTGCGACATTCCAGCTTTTCTGT ATCTTACCTGCAAGCAAGCAAAATGATTGCATTACCCCAACAAAC CCAATAAATGATGATATCATAAATAGCTGTAGAATCAAACCTAAA CCGTACACTAGAAATCACACTTCCCAATGTAGCAAACCTGATGA ATATCTCTCAATGAGATGATTGCTTAATCTC	GCAA	S	16,61	176	GGGAGGCAAAATGA CATC	60,3	TATTGGGTTTGTGG GGGTAA	59,9	52,6	45	
805	BrPe4327	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_7 3155	4	1681	1692	12	3	8	AGGCCCGCCAGAAAGGGTTTAAATGATGAGGTTTCAGAGAGTGAG TAGTTAACAGACCTGACCATAAAGAGGTGTCGAATGAAGCTCTCA TCCACCAGAAAGAAATATGGCGTGAAGGCAACTGATATAGAGAG GAGGGGTACGATAAGGAAGGAAGGGCGGAGATTAACACTCAGA TGATATATGGCATCTTATGGCAGTTCTGGCTGTACAGTAATAATTA TACAGACGATATTTCAAACAAATATTAATATATTATTTATAATAATA TTGTTATTTAATTGCATACACATTTTCAAATACTTG	AAGG	S	13,35	157	CCTGACCATAAAGAG GTGTGC	59,6	CAAGCCAGAAGTGC CATAAGA	60,4	52,4	47,6	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
806	BrPe4328	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_7 3740	4	460	471	12	3	8	CACTAAATTTAGTCCGTCCAAACTGATTACAAATTGACAGTAGGAG ACGTGTCATCGTATTCATAGTAGGAATTGGTCAACTATTAGGAATC CGTCATTCATCCATCCATGCGGTGCACCCATAAAGACGAGCACCA TCTATCCTTGACTTGCTTGCTGTCAAATCCAACGGATGACATAACC TTCAAACATCATAAACCATGATTAACCAAGTTGTTCCGGCTATTTAAAG AAAAAGAACAACATACTAAAGCTAGCAAATTTAAGCACAAGCATA ATTATCCAATATTAGAGAAAATGGAATTTTGAT	CTTG	G	18,76	109	CCCATAAAGACGAGC ACCAT	60,0	AAATAGCCGAACAA CTTGGTTA	57,9	50	36,4	
807	BrPe4329	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_7 3836	4	297	308	12	3	8	ATGAAACAATTGCACATTTCTTCTGGGAGAAGTAAACAATTCGGAC ATAAAATGTTACTCAACAATTATAACATTGTTGGTTTCAAATCCCA TGAAACATTAATATCGATGAGAAGGTTCTTAATTAATATAAGATATC GAGGTGATGACATACATACATGCATCCTTTGATCACATCTTGGATAC TGGTGACGAGATCTGTTTATTCAACCTAACCAATCACAATACATGG GTAATTTTATTATAAAGA	ACAT	S	18,54	188	TGCACATTTCTTCTTG GGAGA	60,8	CTCGTACCAGTAT CCAAGATG	59,6	42,9	50	
808	BrPe4330	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_7 4180	4	1085	1112	28	7	24	CACTATACTATATACGAATGATAATTCAAGTACACTGCATGAAACA AAAAAAAATGCCCTCTCTTCGAGTATTAATTCATTTCATGACCCC TCTCGAGACCTATTGTTGATTGAACCTTCAATTTTATCATTAAACA GAAAAGGGAAGAAGGAAGGAAGGAAGGAAGGAAGGAAGTATAGT GGTGTGTTAAGACAAATGCGAGTGAGAGACAAAACACATAGACAAT AAATACGAATTCAAAAATAAACCGAAATTCACCTCATAAACAAAA CAACAAGCAGAAGAGGACAAACAGAGAGACGAGTAAAAGAGAAA	GAAG	G	17,62	183	ATTGACCCCTCTCGA GACCT	60,1	GAGGTGGGAATTTTC GGTTTA	58,9	55	45	
809	BrPe4331	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_8 5906	4	793	804	12	3	8	TTGGCCGAGGTAACACCAAATGCACCTGCACTTCTGCATACTAAGAC GTAAAGCTTGGTTCTCTGCAGTAAAAACTGGAGCAACCGGTCCAG CCTCCTACATTCCTTCCAAATACTTACTCTCAATTCTAGATCTCT CACATACTCCTCTTTCTTCTTGTGATCGCACCCGCCATCTCTATT TCTCAACTGCCTGAAAATTAACCTCCATAATCATATATGATATACAC TGAACCTGAATTTATAAGGAACAGCATACTCCACCAGTTTGTACTG TCTTCAGACCTCAGATATTGTGCTCAAACA	TTCT	G	18,75	182	AGCCTCTACATTCC CCTTC	59,5	TGGTGGAGTATGCT GTTCTT	59,6	55	47,6	
810	BrPe4332	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 42735	4	838	849	12	3	8	TTCGACACGGGAAGTTCTGATCTTTGGGTGCCTTCATCTAAATGTTA TTTCTCGTCAAGTGTGCTAGCTTTTGGATCGTGTACTTGGATTACTA TTTGTTCCTTGGATTGACGTGAGGTTACATGCTCATGGTTTATGT GACCGCAGCTTGCTTGTCTTTTCCATCCCAGTATAAGTCCAGTGAA TCAAGCACCTACAAGAAGAATGGTGTGTGTTTCTCGGGTTGAAA GAATATAATTTCTAGTTGGATCATAACTCTTATAAAAAATAATAATA TAAACACTTTCACAGACATCACTAGTTC	GCTT	G	15,34	216	TCTGATCTTTGGGTGC CTTC	60,2	CCCAGAAAAACAA CACACC	60,4	50	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microssatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
811	BrPe4333	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 48706	4	2456	2467	12	3	8	TATAGCCTCACTCCTCTTCTCTGCAACCTTTTCATGTGTGCATGTT CTGATTGTCCAATCCCGGGAATATGTTGAGGTCTGGAAGTCTTGTT CTCATATTTAAATTTCCATCATAGTTGGATCTAGATATTTTAAATCT GTTATCTTTTATTTACTTTTCCTTCTAGCCAGGAGGGTTTTT TGTTGGTTTTTTTCCCGGTGGTTGTCAACGGTTTGTCTCCGCTTCTA TTGTTCTTACTTCTCTTCAAATTTTTGTCACTTCTTTTCTTCAG TTGGTTGCTTCAAGTTTACCAGG	TTTA	G	18,98	161	TGCAACCTTTTCATGT GTGC	60,7	CCTCCTGGGCTAGA AGGAAA	60,7	45	55	
812	BrPe4334	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 55236	4	423	434	12	3	8	ATTCAAGTTATCTGTATTCTCTTATGGGCATTCAACAGCATTTATAA CTTAGGCTTTATATTTCTAAATTCGCAAGTAAGACACCACAAGTTAAT TGACACTATGGCTTTCTGCTCTATTAACCTTGTATTCAACAAAAT TTGCTACTTATTTATTTACTCTTTTCATTGGCTCGTGGATATTCCT AATTTGATGCGTAATGTTTTAGGTAGGCAATCTTTCATAAACACCTC CAAGTGGATCGAAGAAGTCCGAAGTGAAGAGGACCCGATGTTATC ATTGCTCTGTGGGAACAAAAGTACC	TTAT	G	18,79	224	TGGGCATTCAACAGC ATTTA	60,1	CGATCCACTTGGAG GTGTTT	60	40	50	
813	BrPe4335	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_6 0202	4	1859	1870	12	3	8	ACTTTGACTGATAAAACAGAAGTTCACCTGTCTTGTATAGATATA AAACCCTTAATGTATACTTCCAGAACCTGTTGAACCTATGCAACAT GAAAATAATGAAGAAAATATTCAGACCCAGCAAGATGAACAATCA AACCTTGAGAGCAACCAACACCTCAGGATAGTTCTAGTAACT TAAATACCTCACCTGCAACTAGAAAAAAATCAGCAAAATGCTAGG GAAAGTCTTAGGAAAATTAATGATTACCAATTAGTAAGGGACAGAG AAAAGAAGAAGTATCCAAAATAAGAAATACTGATA	CAAC	G	24,36	222	CAGAAGTTCACCTG TTCTTGA	60,5	GGACTTTCCTAGC ATTTTGC	60,1	45,5	47,6	
814	BrPe4336	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_1 6	4	7900	7911	12	3	8	AGTCTTATTAATAATCCCTAAGAGAGTAGATGTTGAGGAATGAAGGG GAGAAGAGGAGCCGCTTCTTAGGAAAAGGGCTTTGATCAAGAGC CTTCTTCTTCTCAAAGTCTAGATGAAAAGAAGATTGAGAACAGC TGCTAAGAAACCAAGCAAGCAAGAAAGAGTAAGTCATTATCGAAG AAAGCTCCGCTCTCGATCTCTACTGGACATAGGATCAAGGGACGA GAGAAGGTCGTAGGGTACCTACCCCAAGCAAGAGAGAAAAGTAGAA AAGGTCATAGTCCGAGCTCTAAGCACGAAATAAGG	CAAG	G	3.892,26	194	GGAATGAAGGGGAG AAGAGG	60,0	CGTCCCTTGATCCTA TGTC	59,4	55	55	
815	BrPe4337	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 l_contig_2 6242	4	200	219	20	5	16	GACCACCGCCAAGATCCACCTGGCTCCTCAAGTCAATCACCATGGA GCCGTCTAAACAATTTCTGTAATCCAAAATCTCAGTCTGCAATACAG ATGATGAGAGAAAAGAAAATGGACAAAAGTAAACAACACAAAATG TATATGCTACGTATCTATCTATCTATCTATCAGAGAATTTTTCATCT TTGAAAGAGAAAAGATTTCCACGAGGAGAGAAGAAATGTCATGCATT ACATTTATTTACATACACATGCTCGTTTTAGITTTGGAGAGACAGATT AAAAAACGGAGATCTAACCATCAGATCATAGCAGCGCTCCC	TATC	S	14,67	205	TGGACAAAAAGTAAA CAACACAAA	58,7	AGCGCTGCTATGAT CTGATG	59,2	29,2	50	

G: genoma funcional
S: genoma estrutural
P: polimórfico
M: monomórfico

APÉNDICE

Marcadores microsatélites desenhados a partir do sequenciamento parcial e da montagem *de novo* do genoma de *P. edulis*

N°	Primer	Contig	Motivo	Início	Fim	pb	N° Repet	Score	Sequência do contig	Unidade	G/S	Cobertura	pb	Sequência Forward	T °C Fwd	Sequência Reverse	T °C Rev	% GC Fwd	% GC Rev	P/M
816	BrPe4338	Maracuja_ NoIndex_L 003_R1_00 1_contig_1 4659	4	6182	6193	12	3	8	CTGTCCATATCCAAGGCTGATAAGCAACACTTCTCTCCACAAACCTT CCCCAGGTATCCCATCTCGCATTGTCATGATATGGATAGTTATCTGC ATAAGAGAGGTCTCCAACGAACAATACCGCCTGGCCTTTTGTGGGT TCATTCGTAGTGAGTGAGTGTTTTGTTGAATCAAACTCTGACCA AGATCCCCTGCAATCATAACATAACAATATGCACTTCCTTACCAACAA CTCCCAGAAACACCAGTACCAAATTTGCTCAGAGAACTATGCAGA AATTTAAGCAAACTGAAGTTCTTGGCACAA	AGTG	G	17,16	154	CTTCCCAGGTATCC CATCT	60,1	CAGGGGATCTTGGT CAGAGT	59,1	55	55	

G: genoma funcional
 S: genoma estrutural
 P: polimórfico
 M: monomórfico