



## Diversidade genética de faveira de bolota por meio de marcadores ISSR\*

Raiane de Sousa Oliveira<sup>1</sup>; Jarbson Henrique Oliveira Silva<sup>2</sup>; Jéssica Bárbara Vieira Viana<sup>3</sup>; Francielle Alline Martins<sup>4</sup>; Raimundo Bezerra de Araújo Neto<sup>5</sup>; Paulo Sarmanho da Costa Lima<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Estudante de Ciências Biológicas/UESPI, estagiária da Embrapa Meio-Norte, raianedp2012@hotmail.com

<sup>2</sup>Estudante de Ciências Biológicas/UFPI, estagiário da Embrapa Meio-Norte. <sup>3</sup>Doutoranda pela Universidade Federal de Pernambuco/UFPE. <sup>4</sup>Professora Adjunta III da Universidade Estadual do Piauí. <sup>5</sup>Pesquisador da Embrapa Meio-Norte, paulo.costa-lima@embrapa.br

*Parkia platycephala* Benth. é uma espécie pertencente à família Leguminosae, cuja ocorrência abrange a região Nordeste do Brasil. Destaca-se pelo seu potencial madeireiro, paisagístico e, principalmente, como forrageira. Em virtude da sua utilização em vários estados do Nordeste para a alimentação bovina. Entretanto a fragmentação dos ecossistemas florestais tem gerado a perda da variabilidade genética de populações dessa espécie. Um passo muito importante para promover estratégias de conservação e uso dos recursos genéticos é a verificação da diversidade genética. Os marcadores moleculares têm-se mostrado importantes para quantificar a variabilidade genética em populações naturais, permitindo avaliar o fluxo gênico, efeitos de deriva genética e outras informações. Entre os marcadores moleculares, o ISSR é bastante usado nos estudos de diversidade, pois tem a vantagem de gerar grande número de sequências informativas por reação. Assim, o objetivo do estudo foi avaliar a diversidade genética de 10 acessos de *P. platycephala* do Banco de Germoplasma da Embrapa Meio-Norte (PI) por meio de marcadores ISSR. Amostras de folhas jovens de cada acesso foram coletadas e a extração do DNA foi realizada segundo o protocolo de DOYLE e DOYLE (1990). As extrações de cada acesso foram quantificadas em espectrofotômetro e em gel de agarose 0,8%. Foram selecionados 12 *primers* ISSR desenvolvidos pela *University British of Columbia*, de acordo com o nível de polimorfismo e resolução das bandas. As reações de PCR foram conduzidas em volume final de 10 µL, e as temperaturas de anelamento ( $T_a$ ) variaram de acordo com o especificado para cada primer. A similaridade genética foi estimada pelo coeficiente de Jaccard e em seguida o dendrograma foi obtido pelo método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*) com índice de confiabilidade bootstrap de 1000 repetições, realizadas no programa PAST versão 3.08. Foram amplificados 113 locos, dos quais 97 polimórficos. Identificou-se a formação de três agrupamentos geneticamente distintos que surgem a partir da distância de similaridade de 0,42. O grupo I está representado pelos acessos de faveira F-04, F-09, F-10, F-02 e F-01 e o grupo II, pelos acessos F-05, F-08, F-06 e F-07; o acesso F-03 apresentou maior distância genética de todos os outros acessos, mostrando-se isolado no grupo III. Conclui-se que há importante diversidade genética entre os acessos estudados, que compõem o BAG de forrageiras da Embrapa Meio-Norte, e que os marcadores moleculares ISSR foram eficientes nessa caracterização e representam uma ferramenta útil para o estudo da diversidade.

**Palavras-chave:** Marcadores moleculares, Embrapa, forrageira.

**Agradecimentos:** À Embrapa Meio-Norte, pelo suporte técnico e científico.

\*Trabalho financiado pelo Macroprograma 1-Atividade 01.15.02.002.05.07.003.