



Avaliação de métodos de purificação de amostras de DNA extraídas de Pinha*

Gisele Holanda de Sá¹; Mariana Rodrigues Lustosa²; Sérgio Emílio dos Santos Valente³;
Angela Celis de Almeida Lopes⁴; Lucio Flavo Lopes Vasconcelos⁵; Paulo Sarmanho da
Costa Lima⁵

¹Estudante de Mestrado em Genética e Melhoramento, PPGM/UFPI, estagiária da Embrapa Meio-Norte, giselehollanda2@gmail.com. ²Estudante de Ciências Biológicas, UFPI, estagiária da Embrapa Meio-Norte. ³Professor Dr. Associado II CCN/UFPI. ⁴Professora Dr. Associado III CCA/UFPI. ⁵Pesquisador da Embrapa Meio-Norte paulosarmanho@yahoo.com.br

No processo de caracterização genética das espécies, utilizando-se técnicas moleculares, uma das etapas primordiais é a extração de DNA, que deve apresentar alto nível de eficácia, para que seu produto seja passível de utilização em procedimentos como reações de PCR, digestão, sequenciamento, entre outras. No entanto, em razão da enorme diversidade de metabólitos secundários existentes na grande maioria das plantas lenhosas, como as folhas de pinha, que são grandes detentoras de componentes como alcaloides e flavonoides, o grau de pureza dessas amostras pode ser comprometido, dificultando a eficiência desses procedimentos moleculares. A partir disso, o presente trabalho objetivou testar três diferentes tratamentos para purificação de amostras de DNA extraídas com protocolo orgânico. Foram utilizadas folhas jovens e frescas de dois acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Fruteiras Nativas da Embrapa Meio-Norte. As folhas foram submetidas ao método de extração orgânica de DNA. Posteriormente, as amostras foram quantificadas em aparelho NanoDrop 2000, Quilbt e gel de agarose, possibilitando a avaliação de concentração, pureza e integridade das amostras. Em seguida foram aplicados às amostras três tratamentos: diluição em tampão TE, precipitação com acetato de sódio e precipitação com acetato de potássio. Por fim, foram submetidas à amplificação com iniciadores ISSR e submetidas à eletroforese em gel de agarose. Todas as amostras foram amplificadas, não demonstrando diferenças no padrão de amplificação entre os tratamentos, revelando que não houve deficit na obtenção de amplicons por meio das reações de PCR, independentemente das condições nas quais as amostras se encontravam. No entanto sugere-se a realização de ensaios mais avançados que permitam avaliar a eficiência e a frequência de amplificação para verificar a real eficiência desses tratamentos.

Palavras-chave: Metabólitos secundários, purificação, técnicas moleculares.

Agradecimentos: Embrapa Meio-Norte pelo apoio.