



Similaridade genética entre os acessos de pau-ferro do Banco de Germoplasma da Embrapa Meio-Norte*

Jarbson Henrique Oliveira Silva¹; Raiane de Sousa Oliveira²; Maria Fernanda da Costa Gomes³; Raimundo Bezerra de Araújo Neto⁴; Paulo Sarmanho da Costa Lima⁴

¹Estudante de Ciências Biológicas/UFPI, estagiário da Embrapa Meio-Norte, oliveirahenrique2@outlook. com ²Estudante de Ciências Biológicas/UESPI, estagiária da Embrapa Meio-Norte. ³Doutoranda em Ciências Biológicas/UFPE. ⁴Pesquisador da Embrapa Meio-Norte, paulo.costa-lima@embrapa.br

Pau-ferro (*Caesalpinia ferrea* Mart. ex Tul. var. *ferrea*) é uma planta perenifólia que tem importância medicinal, comercial e forrageira. Entretanto, em razão do seu potencial madeireiro, populações dessa espécie têm sofrido processos de devastação, principalmente na região Nordeste do País, o que tem levado à perda de variabilidade genética. Dessa forma, tornam-se necessários estudos moleculares como subsídio aos programas de conservação e melhoramento da espécie. Neste estudo, objetivou-se caracterizar e avaliar a diversidade genética entre acessos de pau-ferro do Banco de Germoplasma da Embrapa Meio-Norte a partir de 10 *primers* ISSR selecionados. O material foliar foi obtido a partir de nove acessos de pau-ferro do Banco de Germoplasma de forrageiras nativas da Embrapa Meio-Norte e o DNA foi extraído com o kit Qiagen DNeasy®. Correu-se o material genômico em gel de agarose (0,8%), fez-se a leitura no espectrofotômetro e no fluorímetro para avaliação da concentração e da qualidade da extração. Realizou-se então a amplificação do DNA de todos os nove acessos com a utilização de 10 *primers* ISSR. Os fragmentos gerados a partir da amplificação foram separados em gel de agarose (1,5%). O alinhamento das bandas foi processado pelo programa CorelDRAW® Graphics Suite X8 Copyright © (1989-2016 Corel Corporation), no qual se elaborou uma matriz utilizando-se “um” para representar presença de banda e “zero” para ausência e obteve-se uma matriz de similaridade a partir do coeficiente de Jaccard. As análises foram realizadas no programa PAST v.3.08 com o método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*) e utilizou-se índice de confiabilidade bootstrap com 1.000 repetições. O resultado das análises foi um dendrograma baseado nos índices de similaridade e de distância, em que foi possível identificar a formação de dois grupos, um grupo menor composto pelos acessos PF-01, PF-02 e PF-03 e outro grupo maior formado pelo restante dos acessos. O coeficiente cofenético (r) foi de 0,82. Os marcadores ISSR utilizados se mostraram eficientes para o estudo de diversidade de *Caesalpinia ferrea*. A partir das análises preliminares realizadas, é possível identificar a ocorrência de diversidade genética entre os acessos e a formação de dois grupos diferentes dentro da mesma população de pau-ferro do BAG de forrageiras da Embrapa Meio-Norte.

Palavras-chave: *Average*, diversidade genética, ISSR.

Agradecimentos: Embrapa Meio-Norte pelo apoio técnico e científico.

*Trabalho financiado pelo Macroprograma 1.