

033

**EMPREGO DE MARCADORES MOLECULARES (RAPD) NO ESTUDO
GENÉTICO DE *Ilex paraguariensis* St. Hil.¹**

Simone Wendt²

Maria Cristina Medeiros Mazza³

Marguerite M. Quoirin⁴

Valderes Aparecida de Sousa³

José Alfredo Sturion³

A erva-mate (*Ilex paraguariensis*) é uma espécie arbórea de grande importância econômica, ambiental, social e cultural para a região sul do Brasil. É utilizada principalmente para a produção de bebidas, mas apresenta potencial para a produção de corante natural, conservante alimentar, medicamentos diversos, produtos de higiene e cosméticos. Com a crescente demanda e redução dos ervais nativos, os plantios comerciais surgem como solução para o atendimento do mercado. Porém, devido a escassez de estudos genéticos e de programas de melhoramento, as sementes utilizadas para a formação de novas populações não têm sido de boa qualidade genética, resultando em ervais de baixa produtividade. Informações sobre a quantidade e distribuição da variabilidade genética são de extrema importância, considerando a ampla região de ocorrência natural dessa espécie, pois este conhecimento poderá auxiliar no delineamento dos programas de melhoramento e conservação de recursos genéticos. O emprego de técnicas moleculares na análise da variabilidade tem sido efetiva, uma vez que permite detectar polimorfismo ao nível de DNA. O presente trabalho tem como objetivo determinar a variabilidade genética de *I. paraguariensis*, utilizando a técnica RAPD. Para isso, utilizaram-se folhas jovens de três procedências do estado do Paraná: Ivaí, Pinhão e Cascavel, do teste de procedências e progênies, localizado no município de Ivaí. O protocolo para a extração e amplificação do DNA foi adaptado para a espécie. Os quinze *primers* utilizados produziram 159 fragmentos, sendo 71,40% polimórficos. Os resultados mostraram que a caracterização genética da erva-mate é possível através do uso de marcadores moleculares. A análise preliminar dos dados, utilizando o software NTSYS, não detectou variação genética significativa entre as procedências. Esse resultado sugere um elevado grau de semelhança genética das populações em decorrência da possibilidade de fluxo gênico existente entre elas.

Apoio financeiro: Bolsista do CNPq – Brasil
Embrapa Florestas

¹ Parte da tese em desenvolvimento na *Embrapa Florestas*

² Doutoranda do Curso de Pós-Graduação em Processos Biotecnológicos da Universidade Federal do Paraná

³ Pesquisador da *Embrapa Florestas* valderes@cnpf.embrapa.br

⁴ Professora da Universidade Federal do Paraná